

(12) DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITÉ DE COOPÉRATION
EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(19) Organisation Mondiale de la Propriété
Intellectuelle
Bureau international



(43) Date de la publication internationale
23 janvier 2003 (23.01.2003)

PCT

(10) Numéro de publication internationale
WO 03/006497 A2

(51) Classification internationale des brevets⁷ :
C07K 14/435

(JP). ROSSIER, Jean [BE/FR]; 322, rue Saint-Jacques,
F-75005 Paris (FR).

(21) Numéro de la demande internationale :
PCT/FR02/02492

(74) Mandataires : DEMACHY, Charles etc.; Gros-
set-Fournier & Demachy S.a.r.l., 20, rue de Maubeuge,
F-75009 Paris (FR).

(22) Date de dépôt international : 12 juillet 2002 (12.07.2002)

(25) Langue de dépôt : français

(26) Langue de publication : français

(30) Données relatives à la priorité :
01/09293 12 juillet 2001 (12.07.2001) FR

(81) États désignés (national) : AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ,
BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ,
DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM,
HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK,
LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX,
MZ, NO, NZ, OM, PH, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI,
SK, SL, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN,
YU, ZA, ZM, ZW.

(71) Déposant (pour tous les États désignés sauf US) :
CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE [FR/FR]; 3, rue Michel-Ange, F-75794 Paris
Cedex 16 (FR).

(84) États désignés (régional) : brevet ARIPO (GH, GM, KE,
LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), brevet
eurasien (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), brevet
européen (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI,
FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE, SK, TR), brevet
OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML,
MR, NE, SN, TD, TG).

(72) Inventeurs; et

(75) Inventeurs/Déposants (pour US seulement) : LAM-
BOLEZ, Bertrand [FR/FR]; 54, rue Louis Blanc,
F-75010 Paris (FR). GIBELIN, Nathalie [FR/FR]; 16,
Chemin de la Justice, F-92290 Chatenay Malabry (FR).
BOUROUT, Gaëlle [FR/FR]; 17, rue Albert Bayet,
F-75013 Paris (FR). TRICOIRE, Ludovic, Eric [FR/FR];
7, rue Théophile Gautier, F-92120 Montrouge (FR).
COURJEAN, Olivier, Arsène [FR/FR]; 32, boulevard de
Reuilly, F-75012 Paris (FR). TSUZUKI, Keisuke [JP/JP];
4-21-7 Iwagami-machi, Maebashi, Gunma 371-0035

Publiée :

— sans rapport de recherche internationale, sera republiée
dès réception de ce rapport

En ce qui concerne les codes à deux lettres et autres abrévia-
tions, se référer aux "Notes explicatives relatives aux codes et
abréviations" figurant au début de chaque numéro ordinaire de
la Gazette du PCT.

(54) Title: MUTATED PHOTOPROTEINS AND THEIR USES

(54) Titre : PHOTOPROTÉINES MUTEES ET LEURS APPLICATIONS

(57) Abstract: The invention concerns mutated photoproteins derived from isolated jellyfish photoproteins, said mutated photoproteins being characterised in that they exhibit a thermostability higher than that of the photoproteins from which they are derived, and are called thermostable mutated photoproteins, and/or a luminescence duration longer than that of the photoproteins from which they are derived, and are called persistent mutated photoproteins. The invention also concerns the use of said mutated photoproteins in methods for detecting *in vitro* molecules in a biological sample, methods for detecting compounds with enzymatic activity in a biological sample, or methods for detecting intracellular calcium variations.

(57) Abrégé : L'invention a pour objet des photoprotéines mutées dérivées des photoprotéines isolées de méduses, lesdites photoprotéines mutées étant caractérisées par une thermostabilité supérieure à celle des photoprotéines dont elles dérivent, et sont désignées photoprotéines mutées thermostables, et/ou par un temps de luminescence supérieur à celui des photoprotéines dont elles dérivent, et sont désignées photoprotéines mutées persistantes. L'invention concerne également l'utilisation des photoprotéines mutées susmentionnées dans le cadre de la mise en oeuvre de procédés de détection *in vitro* de molécules dans un échantillon biologique, de procédés de détection de composés à activité enzymatique dans un échantillon biologique, ou de procédés de détection des variations de calcium intracellulaire.

WO 03/006497 A2

PHOTOPROTEINES MUTEES ET LEURS APPLICATIONS

La présente invention a pour objet des photoprotéines mutées dérivées des photoprotéines isolées de méduses, lesdites photoprotéines mutées étant caractérisées par une thermostabilité supérieure, et/ou par un temps de luminescence supérieur à ceux des photoprotéines dont elles dérivent, ainsi que les utilisations de ces protéines, notamment dans le cadre de la mise en œuvre de procédés de détection *in vitro* de molécules, de procédés de détection de composés à activité enzymatique dans un échantillon biologique, ou de procédés de détection des variations de calcium intracellulaire induites par divers agents.

L'aequorine est une photoprotéine de la méduse *Aequoria Victoria* qui est constituée d'une partie protéique appelée l'apoequorine et d'un groupement prosthétique, la coelenterazine. Cette photoprotéine a la propriété d'émettre de la lumière lorsqu'elle est en présence d'ions Calcium (Ca^{2+}). Cette propriété permet notamment de détecter les variations de Calcium dans les cellules. Cette photoprotéine est également utilisée comme marqueur pour détecter de faibles quantités de produits organiques (jusqu'à moins d'une centaine de molécules) en raison d'un rapport signal sur bruit de fond extrêmement élevé.

Ainsi, l'aequorine commence à être utilisée dans des systèmes commerciaux de détection de molécules. Son utilisation offre plusieurs avantages : une très grande gamme dynamique qui permet de détecter et de quantifier les molécules sur plusieurs ordres de grandeur, et un bruit de fond extrêmement faible qui permet de détecter la présence de seulement quelques dizaines de molécules dans un échantillon. Ceci permet d'éviter le recours aux techniques d'amplification, telles que la PCR pour la détection des acides nucléiques.

Cependant, les photoprotéines naturelles, et l'aequorine en particulier sont très sensibles aux variations de température qui peuvent dénaturer leur pouvoir d'émission de lumière.

Par ailleurs, la cinétique d'émission de la photoprotéine naturelle est extrêmement rapide (de l'ordre de la seconde) et oblige à une analyse « échantillon par échantillon » dans un luminomètre à injection rapide. Ceci pose un problème pour

utiliser l'aequorine dans un système de criblage à haut débit qui nécessite l'analyse simultanée d'un grand nombre d'échantillon (HTS, High Throughput Screening).

La présente invention découle de la mise en évidence par les inventeurs du fait que certaines mutations dans la séquence peptidique de l'aequorine permettent d'obtenir des mutants d'aequorine beaucoup moins sensibles à la température (à 37°C, les photoprotéines mutantes perdent leurs propriétés photoémettrices en quelques jours au lieu de quelques heures pour la protéine naturelle), ainsi que des mutants ayant une cinétique d'émission lumineuse très ralentie (de la dizaine de secondes à la minute) qui permettent d'analyser simultanément les échantillons (format microplaque à multipuits).

Ainsi la présente invention a principalement pour but de fournir de nouvelles photoprotéines moins sensibles aux élévations de température, et dont le transport et le stockage se trouvent être facilités en raison de leur meilleure stabilité.

La présente invention a pour but également de fournir de nouvelles photoprotéines résistantes jusqu'à 50°C, ce qui simplifie leur utilisation, notamment dans les expériences de détection d'acides nucléiques.

L'invention a également pour but de fournir de nouvelles photoprotéines dont le temps de luminescence est nettement supérieur à celui des photoprotéines dont elles dérivent, ce qui permet de les utiliser dans le cadre du criblage à haut débit, notamment pour la détection in vitro de molécules organiques à l'état de trace.

L'invention a également pour but de fournir des kits comprenant ces nouvelles photoprotéines, pour la mise en œuvre de procédés de mesure et de détection tels que mentionnés ci-dessus.

L'invention a principalement l'utilisation de photoprotéines isolées de méduses pour la préparation de photoprotéines mutées ayant une thermostabilité supérieure à celle des photoprotéines dont elles dérivent, encore désignées photoprotéines mutées thermostables, et/ou par un temps de luminescence supérieur à celui des photoprotéines dont elles dérivent, encore désignées photoprotéines mutées persistantes, lesdites photoprotéines mutées étant caractérisées en ce que leur stabilité dans le temps est augmentée à 37°C d'un facteur d'au moins environ 10, et/ou en ce que leur temps de luminescence est augmenté d'un facteur d'au moins environ 10, par rapport aux photoprotéines dont elles dérivent.

Il convient de souligner que par l'expression photoprotéine mutée dans ce qui précède et ce qui suit, on entend toute photoprotéine constituée d'une partie protéique dérivée par mutation de la partie protéique de la photoprotéine de méduse d'origine, et d'un groupement prosthétique, telle que la coelenterazine.

L'invention a également pour objet un procédé de préparation de photoprotéines mutées thermostables, et/ou persistantes, lesdites photoprotéines mutées étant caractérisées en ce que leur stabilité dans le temps est augmentée à 37°C d'un facteur d'au moins environ 10, et/ou en ce que leur temps de luminescence est augmenté d'un facteur d'au moins environ 10, par rapport aux photoprotéines de méduse dont elles dérivent, caractérisé en ce qu'il comprend la mise en œuvre d'une ou plusieurs mutations desdites photoprotéines de méduse, lesdites mutations étant choisies parmi :

* au moins une des trois mutations augmentant la thermostabilité desdites photoprotéines, et choisie parmi les suivantes :

- suppression de la lysine (K) contenue dans le motif RHKX₁MF₂ dans lequel X₁=H ou F, et X₂= N ou D, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cette lysine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette lysine par une arginine,

- suppression de la glutamine (Q) contenue dans le motif DEMTRQHLGFWY, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cette glutamine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette glutamine par une arginine,

- suppression de la leucine (L) contenue dans le motif DEMTRQHLGFWY susmentionné, ou substitution de cette leucine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette leucine par une isoleucine,

* et/ou au moins une des six mutations augmentant le temps de luminescence desdites photoprotéines, et choisie parmi les suivantes :

- suppression du glutamate (E) contenu dans le motif DX₁NX₂X₃GX₄IX₅LX₆E dans lequel X₁=V ou I, X₂=H, G ou S, X₃=N ou D, X₄=K ou Q, X₅=S, T ou N, et X₆=D ou N, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de ce glutamate par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de ce glutamate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

- suppression du premier aspartate (D) contenu dans le motif DKDX₁X₂GX₃X₄X₅LDE dans lequel X₁=Q, G ou R, X₂=N ou S, X₃=A, S ou T, X₄=I

ou V, et $X_5=T$ ou S, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cet aspartate par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cet aspartate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

5 - suppression du glutamate (E) contenu dans le motif $DKDX_1X_2GX_3X_4X_5LDE$ susmentionné, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de ce glutamate par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de ce glutamate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

10 - suppression de la phénylalanine (F) contenue dans le motif $EX_1TFX_2X_3$ dans lequel $X_1=E, K$ ou A, $X_2=R, K$ ou A, et $X_3=V$ ou H, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cette phénylalanine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette phénylalanine par une sérine, ou par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

15 - suppression du premier aspartate (D) contenu dans le motif $DX_1DX_2X_3GX_4LDVDE$, dans lequel $X_1=I$ ou L, $X_2=E, N$ ou G, $X_3=S$ ou D, et $X_4=Q, K$ ou D, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cet aspartate par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cet aspartate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

20 - suppression de la valine en position 54 de la séquence peptidique SEQ ID NO : 2 de l'aequorine, ou substitution de cette valine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette valine par une alanine, ou par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine.

25 L'invention concerne également l'utilisation des photoprotéines mutées thermostables et/ou persistantes pour la mise en œuvre de :

 - de procédés de détection *in vitro* de molécules, tels que des protéines ou antigènes ou des acides nucléiques dans un échantillon biologique, notamment dans le cadre du dépistage *in vitro* de bactéries telles que les *Listeria* dans les aliments, ou dans

30 le cadre du dépistage d'agents pathogènes tels que le virus VIH chez l'homme,
 - de procédés de détection de composés à activité enzymatique dans un échantillon biologique, notamment dans le cadre du criblage de molécules activant ou inhibant une activité enzymatique spécifique,

- de procédés de détection des variations de calcium intracellulaire induites par divers agents, notamment dans le cadre du criblage de molécules agissant sur une séquence nucléique ou protéique fusionnée à la photoprotéine mutée, ou coexprimée avec la photoprotéine mutée dans des cellules hôtes susmentionnées,

5 dans lesquels les températures utilisées peuvent atteindre plus de 50°C, et/ou le temps de lecture après activation de la photoprotéine peut être supérieur à 5 min, ce qui limite considérablement les bruits de lecture.

L'invention a également pour objet les photoprotéines mutées dérivées des photoprotéines isolées de méduses, lesdites photoprotéines mutées étant caractérisées par une thermostabilité supérieure à celle des photoprotéines dont elles dérivent, et sont désignées photoprotéines mutées thermostables, et/ou par un temps de luminescence supérieur à celui des photoprotéines dont elles dérivent, et sont désignées photoprotéines mutées persistantes.

10 Avantageusement, les photoprotéines mutées selon l'invention, sont telles que la stabilité dans le temps est augmentée à 37°C d'un facteur d'au moins environ 10, et/ou leur temps de luminescence est augmenté d'un facteur d'au moins environ 10, par rapport aux photoprotéines dont elles dérivent.

Avantageusement encore, les photoprotéines mutées selon l'invention, sont caractérisées en ce qu'elles sont stables pendant au moins environ 30 minutes jusqu'à la température d'environ 50°C, et en ce qu'elles peuvent être conservées pendant au moins environ 4 jours à des températures pouvant atteindre jusqu'à 37°C, et/ou en ce que leur temps de luminescence est compris entre environ 1 min et environ 5 min.

L'invention a plus particulièrement pour objet les photoprotéines mutées telles que définies ci-dessus, caractérisées en ce qu'elles comprennent :

25 * au moins une des trois mutations augmentant leur thermostabilité, choisie parmi les suivantes :

- suppression de la lysine (K) contenue dans le motif RHKX₁MFX₂ dans lequel X₁=H ou F, et X₂= N ou D, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cette lysine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette lysine par une arginine,

30 - suppression de la glutamine (Q) contenue dans le motif DEMTRQHLGFWY, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cette glutamine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette glutamine par une arginine,

- suppression de la leucine (L) contenue dans le motif DEMTRQHLGFWY susmentionné, ou substitution de cette leucine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette leucine par une isoleucine,

5 * et/ou au moins une des six mutations augmentant leur temps de luminescence, choisie parmi les suivantes :

- suppression du glutamate (E) contenu dans le motif DX₁NX₂X₃GX₄IX₅LX₆E dans lequel X₁=V ou I, X₂=H, G ou S, X₃=N ou D, X₄=K ou Q, X₅=S, T ou N, et X₆=D ou N, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de ce glutamate par un acide aminé naturel ou non, à l'exclusion de la sérine, notamment substitution de ce glutamate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

10 - suppression du premier aspartate (D) contenu dans le motif DKDX₁X₂GX₃X₄X₅LDE dans lequel X₁=Q, G ou R, X₂=N ou S, X₃=A, S ou T, X₄=I ou V, et X₅=T ou S, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cet aspartate par un acide aminé naturel ou non, à l'exclusion de la sérine, notamment substitution de cet aspartate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

15 - suppression du glutamate (E) contenu dans le motif DKDX₁X₂GX₃X₄X₅LDE susmentionné, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de ce glutamate par un acide aminé naturel ou non, à l'exclusion de la sérine, notamment substitution de ce glutamate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

20 - suppression de la phénylalanine (F) contenue dans le motif EX₁TFX₂X₃ dans lequel X₁=E, K ou A, X₂=R, K ou A, et X₃=V ou H, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cette phénylalanine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette phénylalanine par une sérine, ou par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

25 - suppression du premier aspartate (D) contenu dans le motif DX₁DX₂X₃GX₄LDVDE, dans lequel X₁=I ou L, X₂=E, N ou G, X₃=S ou D, et X₄=Q, K ou D, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cet aspartate par un acide aminé naturel ou non, à l'exclusion de la sérine, notamment substitution de cet aspartate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

30

- suppression de la valine en position 54 de la séquence peptidique SEQ ID NO : 2 de l'aequorine, ou substitution de cette valine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette valine par une alanine, ou par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine.

5 Des photoprotéines mutées thermostables particulièrement préférées selon l'invention, sont caractérisées en ce qu'elles comprennent au moins une des deux mutations suivantes :

- suppression de la glutamine contenue dans le motif DEMTRQHLGFWY, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cette glutamine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette glutamine par une arginine,

- suppression de la leucine contenue dans le motif DEMTRQHLGFWY susmentionné, ou substitution de cette leucine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette leucine par une isoleucine.

15 Des photoprotéines mutées persistantes particulièrement préférées selon l'invention, sont caractérisées en ce qu'elles comprennent au moins une des mutations suivantes :

- suppression du premier aspartate (D) contenu dans le motif DKDX₁X₂GX₃X₄X₅LDE dans lequel X₁=Q, G ou R, X₂=N ou S, X₃=A, S ou T, X₄=I ou V, et X₅=T ou S, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cet aspartate par un acide aminé naturel ou non, à l'exclusion de la sérine, notamment substitution de cet aspartate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

- suppression du glutamate (E) contenu dans le motif DKDX₁X₂GX₃X₄X₅LDE susmentionné, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de ce glutamate par un acide aminé naturel ou non, à l'exclusion de la sérine, notamment substitution de ce glutamate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

- suppression du premier aspartate (D) contenu dans le motif DX₁DX₂X₃GX₄LDVDE, dans lequel X₁=I ou L, X₂=E, N ou G, X₃=S ou D, et X₄=Q, K ou D, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cet aspartate par un acide aminé naturel ou non, à l'exclusion de la sérine, notamment substitution de cet aspartate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine.

L'invention a plus particulièrement pour objet les photoprotéines mutées telles que définies ci-dessus, caractérisées en ce qu'elles dérivent de :

- l'aequorine extraite de la méduse *Aequoria Victoria*, ladite aequorine étant telle que représentée par la séquence SEQ ID NO : 2,

5 - la clytine extraite de la méduse *Clytia gregaria*, ladite clytine étant telle que représentée par la séquence SEQ ID NO : 18,

- la mitrocomine extraite de la méduse *Mitrocoma cellularia*, ladite mitrocomine étant telle que représentée par la séquence SEQ ID NO : 34,

10 - ou de l'obéline extraite de la méduse *Obelia longissima*, ladite obéline étant telle que représentée par la séquence SEQ ID NO : 50.

L'invention concerne plus particulièrement les photoprotéines mutées thermostables dérivées de l'aequorine telles que définies ci-dessus, et choisies parmi les protéines comprenant les séquences suivantes :

15 - la séquence peptidique SEQ ID NO : 4, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 2 dans laquelle la lysine en position 27 est remplacée par une arginine,

- la séquence peptidique SEQ ID NO : 6, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 2 dans laquelle la glutamine en position 178 est remplacée par une arginine,

- la séquence peptidique SEQ ID NO : 8, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 2 dans laquelle la leucine en position 180 est remplacée par une isoleucine,

20 - la séquence peptidique SEQ ID NO : 10, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 2 dans laquelle la lysine en position 27 est remplacée par une arginine, et la glutamine en position 178 est remplacée par une arginine,

25 - la séquence peptidique SEQ ID NO : 12, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 2 dans laquelle la lysine en position 27 est remplacée par une arginine, et la leucine en position 180 est remplacée par une isoleucine,

- la séquence peptidique SEQ ID NO : 14, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 2 dans laquelle la glutamine en position 178 est remplacée par une arginine, et la leucine en position 180 est remplacée par une isoleucine,

30 - la séquence peptidique SEQ ID NO : 16, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 2 dans laquelle la lysine en position 27 est remplacée par une arginine, la glutamine en position 178 est remplacée par une arginine, et la leucine en position 180 est remplacée par une isoleucine,

L'invention a particulièrement pour objet les photoprotéines mutées thermostables dérivées de la clytine telles que définies ci-dessus, choisies parmi les protéines comprenant les séquences suivantes :

- la séquence peptidique SEQ ID NO : 20, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 18 dans laquelle la lysine en position 26 est remplacée par une arginine,
- la séquence peptidique SEQ ID NO : 22, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 18 dans laquelle la glutamine en position 177 est remplacée par une arginine,
- la séquence peptidique SEQ ID NO : 24, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 18 dans laquelle la leucine en position 179 est remplacée par une isoleucine,
- la séquence peptidique SEQ ID NO : 26, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 18 dans laquelle la lysine en position 26 est remplacée par une arginine, et la glutamine en position 177 est remplacée par une arginine,
- la séquence peptidique SEQ ID NO : 28, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 18 dans laquelle la lysine en position 26 est remplacée par une arginine, et la leucine en position 179 est remplacée par une isoleucine,
- la séquence peptidique SEQ ID NO : 30, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 18 dans laquelle la glutamine en position 177 est remplacée par une arginine, et la leucine en position 179 est remplacée par une isoleucine,
- la séquence peptidique SEQ ID NO : 32, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 18 dans laquelle la lysine en position 26 est remplacée par une arginine, la glutamine en position 177 est remplacée par une arginine, et la leucine en position 179 est remplacée par une isoleucine,

L'invention concerne plus particulièrement les photoprotéines mutées thermostables dérivées de la mitrocomine telles que définies ci-dessus, choisies parmi les protéines comprenant les séquences suivantes :

- la séquence peptidique SEQ ID NO : 36, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 34 dans laquelle la lysine en position 25 est remplacée par une arginine,
- la séquence peptidique SEQ ID NO : 38, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 34 dans laquelle la glutamine en position 176 est remplacée par une arginine,
- la séquence peptidique SEQ ID NO : 40, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 34 dans laquelle la leucine en position 178 est remplacée par une isoleucine,
- la séquence peptidique SEQ ID NO : 42, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 34 dans laquelle la lysine en position 25 est remplacée par une arginine, et la glutamine en position 176 est remplacée par une arginine,

- la séquence peptidique SEQ ID NO : 44 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 34 dans laquelle la lysine en position 25 est remplacée par une arginine, et la leucine en position 178 est remplacée par une isoleucine,

5 - la séquence peptidique SEQ ID NO : 46, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 34 dans laquelle la glutamine en position 176 est remplacée par une arginine, et la leucine en position 178 est remplacée par une isoleucine,

10 - la séquence peptidique SEQ ID NO : 48, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 34 dans laquelle la lysine en position 25 est remplacée par une arginine, la glutamine en position 176 est remplacée par une arginine, et la leucine en position 178 est remplacée par une isoleucine.

L'invention concerne plus particulièrement les photoprotéines mutées thermostables dérivées de l'obéline telles que définies ci-dessus, choisies parmi les protéines comprenant les séquences suivantes :

15 - la séquence peptidique SEQ ID NO : 52, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 50 dans laquelle la lysine en position 23 est remplacée par une arginine,

- la séquence peptidique SEQ ID NO : 54, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 50 dans laquelle la glutamine en position 174 est remplacée par une arginine,

- la séquence peptidique SEQ ID NO : 56, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 50 dans laquelle la leucine en position 176 est remplacée par une isoleucine,

20 - la séquence peptidique SEQ ID NO : 58, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 50 dans laquelle la lysine en position 23 est remplacée par une arginine, et la glutamine en position 174 est remplacée par une arginine,

25 - la séquence peptidique SEQ ID NO : 60, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 50 dans laquelle la lysine en position 23 est remplacée par une arginine, et la leucine en position 176 est remplacée par une isoleucine,

- la séquence peptidique SEQ ID NO : 62 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 50 dans laquelle la glutamine en position 174 est remplacée par une arginine, et la leucine en position 176 est remplacée par une isoleucine,

30 - la séquence peptidique SEQ ID NO : 64, correspondant à la séquence SEQ ID NO : 50 dans laquelle la lysine en position 23 est remplacée par une arginine, la glutamine en position 174 est remplacée par une arginine, et la leucine en position 176 est remplacée par une isoleucine.

L'invention concerne plus particulièrement les photoprotéines mutées persistantes dérivées de l'aequorine telles que définies ci-dessus, et choisies parmi les protéines comprenant les séquences suivantes :

- la séquence peptidique SEQ ID NO : 66 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 2 dans laquelle le glutamate en position 45 est remplacé par une glycine,
- la séquence peptidique SEQ ID NO : 68 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 2 dans laquelle la valine en position 54 est remplacée par une alanine,
- la séquence peptidique SEQ ID NO : 70 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 2 dans laquelle l'aspartate en position 127 est remplacé par une glycine,
- la séquence peptidique SEQ ID NO : 72 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 2 dans laquelle le glutamate en position 138 est remplacé par une glycine,
- la séquence peptidique SEQ ID NO : 74 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 2 dans laquelle la phénylalanine en position 159 est remplacée par une sérine,
- la séquence peptidique SEQ ID NO : 76 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 2 dans laquelle l'aspartate en position 163 est remplacé par une glycine.

L'invention a particulièrement pour objet les photoprotéines mutées persistantes dérivées de la clytine telles que définies ci-dessus, choisies parmi les protéines comprenant les séquences suivantes :

- la séquence peptidique SEQ ID NO : 78 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 18 dans laquelle le glutamate en position 44 est remplacé par une glycine,
- la séquence peptidique SEQ ID NO : 80 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 18 dans laquelle l'aspartate en position 126 est remplacé par une glycine,
- la séquence peptidique SEQ ID NO : 82 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 18 dans laquelle le glutamate en position 137 est remplacé par une glycine,
- la séquence peptidique SEQ ID NO : 84 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 18 dans laquelle la phénylalanine en position 158 est remplacée par une sérine,
- la séquence peptidique SEQ ID NO : 86 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 18 dans laquelle l'aspartate en position 162 est remplacé par une glycine.

L'invention concerne plus particulièrement les photoprotéines mutées persistantes dérivées de la mitrocomine telles que définies ci-dessus, choisies parmi les protéines comprenant les séquences suivantes :

- la séquence peptidique SEQ ID NO : 88 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 34 dans laquelle le glutamate en position 43 est remplacé par une glycine,

- la séquence peptidique SEQ ID NO : 90 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 34 dans laquelle l'aspartate en position 125 est remplacé par une glycine,

- la séquence peptidique SEQ ID NO : 92 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 34 dans laquelle le glutamate en position 136 est remplacé par une glycine,

5 - la séquence peptidique SEQ ID NO : 94 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 34 dans laquelle la phénylalanine en position 157 est remplacée par une sérine,

- la séquence peptidique SEQ ID NO : 96 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 34 dans laquelle l'aspartate en position 161 est remplacé par une glycine.

10 L'invention concerne plus particulièrement les photoprotéines mutées persistantes dérivées de l'obéline telles que définies ci-dessus, choisies parmi les protéines comprenant les séquences suivantes :

- la séquence peptidique SEQ ID NO : 98 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 50 dans laquelle le glutamate en position 41 est remplacé par une glycine,

15 - la séquence peptidique SEQ ID NO : 100 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 50 dans laquelle l'aspartate en position 123 est remplacé par une glycine,

- la séquence peptidique SEQ ID NO : 102 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 50 dans laquelle le glutamate en position 134 est remplacé par une glycine,

- la séquence peptidique SEQ ID NO : 104 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 50 dans laquelle la phénylalanine en position 155 est remplacée par une sérine,

20 - la séquence peptidique SEQ ID NO : 106 correspondant à la séquence SEQ ID NO : 50 dans laquelle l'aspartate en position 159 est remplacé par une glycine.

L'invention a plus particulièrement pour objet les photoprotéines mutées thermostables et persistantes telles que définies ci-dessus, choisies parmi :

25 - les protéines dérivées de l'aequorine de séquences SEQ ID NO : 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, et correspondant aux séquences SEQ ID NO : 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, dans lesquelles E en position 45 est remplacé par G, et/ou V en position 54 est remplacé par A, et/ou D en position 127 est remplacé par G, et/ou E en position 138 est remplacé par G, et/ou F en position 159 est remplacé par S, et/ou D en position 163 est remplacé par G,

30 - les protéines dérivées de la clytine de séquences SEQ ID NO : 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, et correspondant aux séquences suivantes : SEQ ID NO : 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, dans lesquelles E en position 44 est remplacé par G, et/ou D en position 126 est remplacé par G, et/ou E en position 137 est remplacé par G, et/ou F en position 158 est remplacé par S, et/ou D en position 162 est remplacé par G,

- les protéines de la mitrocomine de séquences SEQ ID NO : 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, et correspondant aux séquences suivantes : SEQ ID NO : 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, dans lesquelles E en position 43 est remplacé par G, et/ou D en position 125 est remplacé par G, et/ou E en position 136 est remplacé par G, et/ou F en position 157 est remplacé par S, et/ou D en position 161 est remplacé par G,

- les protéines dérivées de l'obéline de séquences SEQ ID NO : 128, 129, 130, 131, 132, 133, 134, et correspondant aux séquences suivantes : SEQ ID NO : 52, 54, 56, 58, 60, 62, 64, dans lesquelles E en position 41 est remplacé par G, et/ou D en position 123 est remplacé par G, et/ou E en position 134 est remplacé par G, et/ou F en position 155 est remplacé par S, et/ou D en position 159 est remplacé par G.

L'invention a plus particulièrement pour objet les photoprotéines mutées telles que définies ci-dessus, caractérisées en ce qu'elles sont liées :

- à une sonde protéique ou nucléique susceptible de reconnaître des antigènes ou protéines ou acides nucléiques déterminés,

- ou à un substrat spécifique d'une activité enzymatique déterminée,

- ou à une molécule susceptible de former un complexe avec une autre molécule, tel que le complexe avidine-biotine.

L'invention concerne également les séquences nucléotidiques codant pour les photoprotéines mutées définies ci-dessus.

A ce titre, l'invention a plus particulièrement pour objet les séquences nucléotidiques susmentionnées, codant pour les photoprotéines mutées telles que définies ci-dessus, choisies parmi les acides nucléiques comprenant les séquences SEQ ID NO : 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 51, 53, 55, 57, 59, 61, 63, 65, 67, 69, 71, 73, 75, 77, 79, 81, 83, 85, 87, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, codant respectivement pour les séquences SEQ ID NO : 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 52, 54, 56, 58, 60, 62, 64, 66, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 86, 88, 90, 92, 94, 96, 98, 100, 102, 104, 106, ou toute séquence nucléotidique dérivée par dégénérescence du code génétique des séquences susmentionnées et codant pour les photoprotéines mutées susmentionnées.

L'invention concerne également les vecteurs, notamment les plasmides, contenant une séquence recombinante comprenant une séquence nucléotidique de l'invention telle que définie ci-dessus.

L'invention a également pour objet les cellules hôtes, telles que cellules procaryotes, notamment *E. coli*, ou eucaryotes, notamment les lignées HEK 293

(American Type Culture Collection ATCC n° CRL-1573) ou CHO (ATCC n° CCL-61), comprenant une séquence nucléotidique telle que définie ci-dessus, lesdites cellules étant telles qu'obtenues par transformation à l'aide d'un vecteur susmentionné.

5 L'invention concerne également tout procédé de préparation de photoprotéines mutées telles que définies ci-dessus, caractérisé en ce qu'il comprend la transformation de cellules hôtes appropriées à l'aide d'un vecteur susmentionné, la mise en culture de cellules hôtes transformées ainsi obtenues dans un milieu approprié, et la récupération, le cas échéant après purification, des photoprotéines mutées produites par ces cellules, suivie le cas échéant d'une étape de liaison au groupement prosthétique, telle que la
10 coelenterazine.

L'invention a également pour objet l'utilisation de photoprotéines mutées telles que définies ci-dessus, ou de cellules hôtes transformées susmentionnées exprimant lesdites photoprotéines mutées, dans le cadre de la mise en œuvre :

- de procédés de détection *in vitro* de molécules, tels que des protéines ou
15 antigènes ou des acides nucléiques dans un échantillon biologique, notamment dans le cadre du dépistage *in vitro* de bactéries telles que les *Listeria* dans les aliments, ou dans le cadre du dépistage d'agents pathogènes tels que le virus VIH chez l'homme,

- de procédés de détection de composés à activité enzymatique dans un échantillon biologique, notamment dans le cadre du criblage de molécules activant ou
20 inhibant une activité enzymatique spécifique,

- de procédés de détection des variations de calcium intracellulaire induites par divers agents, notamment dans le cadre du criblage de molécules agissant sur une séquence nucléique ou protéique fusionnée à la photoprotéine mutée, ou coexprimée avec la photoprotéine mutée dans des cellules hôtes susmentionnées.

25 L'invention a plus particulièrement pour objet des procédés de détection *in vitro* de protéines ou antigènes ou d'acides nucléiques dans un échantillon biologique, tels que définis ci-dessus, caractérisés en ce qu'ils comprennent principalement les étapes suivantes :

- le cas échéant, une étape d'amplification du nombre d'acides nucléiques présents
30 dans l'échantillon biologique,

- immobilisation des protéines ou antigènes ou acides nucléiques sur un support approprié, puis addition d'une sonde spécifique desdits protéines ou antigènes ou acides nucléiques et rinçage, ladite sonde étant liée à une photoprotéine mutée telle que définie

ci-dessus, ou ladite photoprotéine étant additionnée sur le support avec les réactifs appropriés pour sa liaison à ladite sonde,

- mesure de l'intensité de la bioluminescence émise après l'étape de rinçage.

5 L'invention a également pour objet les procédés de détection *in vitro* de composés à activité enzymatique dans un échantillon biologique tels que définis ci-dessus, caractérisés en ce qu'ils comprennent principalement les étapes suivantes :

- immobilisation sur un support approprié d'un substrat protéique spécifique de l'activité enzymatique à détecter, ce substrat étant lié à une photoprotéine mutée telle que définie ci-dessus, addition de l'échantillon biologique, puis rinçage,
- 10 - ou immobilisation sur un support approprié des composés de l'échantillon biologique, addition du substrat protéique lié à une photoprotéine mutée telle que définie ci-dessus, puis rinçage,
- mesure de l'intensité de la bioluminescence émise après l'étape de rinçage.

15 L'invention a plus particulièrement pour objet encore, les procédés de détection *in vitro* des variations de calcium intracellulaire induites par divers agents tels que définis ci-dessus, caractérisés en ce qu'ils comprennent la mise en culture de cellules transformées susmentionnées, avec l'échantillon contenant les molécules à détecter, et la mesure de la variation de bioluminescence.

Avantageusement, les procédés susmentionnés selon l'invention, sont caractérisés en ce qu'ils peuvent être effectués jusqu'à des températures d'environ 50 °C, à l'aide de photoprotéines mutées thermostables, et, le cas échéant, persistantes, telles que définies ci-dessus.

Avantageusement encore, les procédés susmentionnés selon l'invention, sont caractérisés en ce qu'ils peuvent être effectués en simultanés sur échantillons multiples, à l'aide de photoprotéines persistantes, et, le cas échéant, thermostables, telles que définies ci-dessus.

25 L'invention a également pour objet les kits ou trousse, pour la mise en œuvre de procédés tels que définis ci-dessus, caractérisés en ce qu'ils comprennent des photoprotéines mutées susmentionnées, le cas échéant en association avec des réactifs nécessaires à la mise en œuvre desdits procédés.

30 L'invention a plus particulièrement pour objet les kits tels que définis ci-dessus, caractérisés en ce qu'ils peuvent être conservés en solutions prêtes à l'emploi, notamment pendant au moins environ 4 jours à des températures ambiantes d'environ 20°C, et pouvant atteindre jusqu'à environ 37°C, lorsqu'ils contiennent des

photoprotéines mutées thermostables, et, le cas échéant, persistantes, telles que définies ci-dessus.

L'invention sera davantage illustrée à l'aide de la description détaillée qui suit d'obtention de photoprotéines mutées telles que définies ci-dessus, et des conditions d'utilisation de ces photoprotéines dans le cadre des applications susmentionnées de ces dernières.

A) Obtention de mutants thermostables de la photoprotéine aequorine

Protocoles

La procédure employée a consisté en la réalisation d'une banque de mutants aléatoires d'aequorine générés par la technique de "DNA shuffling" (ou brassage de l'ADN) (Stemmer, WPC, 1994). Ces mutants, insérés dans un vecteur d'expression procaryotique ont été transformés dans *E. coli* et clonés. Les clones ont été criblés individuellement pour une augmentation de bioluminescence. Les meilleurs mutants ont alors été utilisés pour un deuxième tour de DNA shuffling suivi d'un criblage identique. Ce processus a été répété une troisième fois. Trois mutations qui augmentaient l'activité de l'aequorine ont été répertoriées. Lors des test subséquents, nous avons pu montrer que ces mutations n'augmentent pas l'émission de lumière de l'aequorine mais augmentent sa stabilité. Ceci explique que ces mutants aient été sélectionnés dans notre système cellulaire procaryotique (*E. coli*). Pour l'un de ces mutants, les tests montrent une augmentation du temps de demi-vie à 37°C d'un facteur 12.5 en système cellulaire procaryotique et d'un facteur 7.5 pour la protéine purifiée, par rapport à l'aequorine sauvage. De même, la température de demi-inactivation de ce mutant lors d'un choc thermique de 30 minutes est supérieure de 10 degrés Celsius à celle de l'aequorine sauvage (expérience réalisée en système cellulaire et sur protéine purifiée). Ce même mutant montre une légère réduction d'affinité pour le calcium par rapport à l'aequorine sauvage, ce qui est un avantage pour une utilisation de l'aequorine *in vitro*.

DNA shuffling

Le cDNA de l'aequorine « sauvage » (Aeqwt, ~600 bp) a été sous-cloné aux sites *KpnI* (5') et *EcoRI* (3') du vecteur pPD16 sous dépendance du promoteur Plac. Ce clone a été nommé pPD-Aeqwt. 20 ng du plasmide pPD-Aeqwt a été digéré par *PstI* et *EagI* (sites externes à l'insert aequorine dans le polylinker de pPD16) et l'insert Aeqwt

amplifié par PCR en utilisant les amorces suivantes : up-e-Aeq, 5' CGG GTA CCG ATG CTTTATGATGTTCTGAT 3' et lo-e-Aeq, 5' TGGAATTC TTA GGGGACAGCTCCAC 3'. Le produit de PCR résultant a été purifié (Qiaquick extraction kit, Qiagen). 3 µg du produit purifié a été digéré par la DNaseI (1 ng/µl) dans 100 µl de tampon DNase I à 25°C pendant 7 min. Les fragments de digestion
5 compris entre 50 et 300 bp ont été purifiés par électrophorèse sur gel d'agarose.

PCR sans amorces (shuffling)

1 µg des fragments Aeq digérés ont été soumis à une PCR sans amorces dans 50 µl de tampon PCR contenant 200 µM de chaque dNTP, 2,2 mM MgCl₂, 2.5 unités de *taq* polymérase (Qiagen) en effectuant 35 cycles avec 30s à 94°C, 30s à 45°C et 30s à 72°C.
10

PCR avec amorces

2,5 µl du produit de la réaction de shuffling a été amplifié par 20 cycles de PCR (30s à 94°C, 30s à 58°C et 40s à 72°C) dans 100 µl de tampon de PCR contenant 20 pmole de chaque amorce up-e-Aeq et lo-e-Aeq, 50 µM de chaque dNTP, 1,5 mM MgCl₂ et 2.5 unités de *taq* polymérase (Qiagen).
15

Banque de mutants

Le produit de la PCR avec amorces (aequorines mutées) a été purifié (Qiaquick extraction kit, Qiagen), digéré *KpnI* / *EcoRI* et sous-cloné dans le vecteur pPD16 sous dépendance du promoteur Plac. La banque d'aequorines mutantes a été transformée dans la souche d'E. Coli XL1 blue (Stratagene), et étalée sur boîtes LB ampicilline.
20

Au 1^{er} tour de shuffling-criblage, 15840 colonies ont été repiquées individuellement, transférées en plaques 96 puits (Costar) dans 50 µl de LB ampicilline par puits et incubées 4 h à 37°C avec agitation en vue du criblage de leur activité.
25

Aux 2^e et 3^e tour de shuffling-criblage, respectivement 19200 et 17952 colonies ont été repiquées individuellement, transférées en plaques 96 puits dans 200 µl de milieu de congélation (composition en g/l, Bacto tryptone, 16, Bacto yeast extract, 10, NaCl, 5, K₂HPO₄, 0,27, KH₂PO₄, 7,16, Na citrate, 2, MgSO₄-7H₂O, 0,1, (NH₄)₂SO₄, 0,9, glycérol, 50 et 100 µg/ml d'ampicilline) et après incubation sur la nuit à 37°C sans agitation, stockées à -80°C. Ces plaques de stockage ont été répliquées (96 pin replicator long, Genetix) en plaques 96 puits (Costar) dans 50 µl de LB ampicilline par puits. Ces répliques pour criblage ont été incubées 4 h à 37°C avec agitation.
30

Après ajout de 50 µl par puits d'une solution contenant Tris pH8, 100 mM, NaCl, 90 mM, coelenterazin, 5 mM, les plaques à cribler ont été incubées à 4°C durant la nuit pour la reconstitution de l'aequorine (volume final par puits 100 µl).

Criblage

5 Après 15 minutes à température ambiante, les clones d'aequorines mutées en plaques 96 puits ont été criblées pour leur activité de bioluminescence activée par le Ca^{2+} à l'aide d'un luminomètre à injecteur (PhL, Mediators, Austria). La lumière émise durant les 4 secondes consécutives à l'injection de 100 µl d'une solution contenant CaCl_2 , 20 mM et triton X100, 1% a été mesurée pour chaque clone individuellement.
10 Les mutants ont été sélectionnés sur la base d'une activité 15 fois supérieure à la moyenne des clones de la plaque 96 puits et ré-étalés sur boîte LB ampicilline pour confirmation et comparaison avec l'aequorine sauvage. A l'issue du 1^{er} tour de criblage, 40 clones dont l'activité était supérieure à celle de l'aequorine sauvage ont été sélectionnés pour le 2^e tour de shuffling-criblage. 37 clones ont été sélectionnés au
15 second tour pour le troisième tour de criblage. L'insert de chacun de ces clones a été amplifié individuellement par PCR en utilisant les amorces up-e-Aeq et lo-e-Aeq (voir ci-dessus, DNA shuffling). Les produits de PCR de chaque clone ont été combinés (200 ng par clone) et soumis au protocole de DNA shuffling précédent pour générer la banque de mutants du tour suivant.

20

Séquençage des mutants

Le séquençage des mutants (7 mutants sélectionnés au 2^e tour et 7 mutants sélectionnés au 3^e tour) a été réalisé sur un séquenceur automatique ABI310 (PE applied biosystems) avec les amorces up-e-Aeq et lo-e-Aeq (voir DNA shuffling).

25

Purification des aequorines

Les cDNA de l'aequorine sauvage et des aequorines mutantes, excisés par double coupure *KpnI/EcoRI* ont été sous-clonés dans pRSETC (Invitrogen, Xpress protein expression system). Les plasmides résultants ont été transformés dans la souche
30 d'E.Coli BL21(DE3) pLysS (Invitrogen) pour expression des aequorines. Les aequorines ont été purifiées par chromatographie d'affinité sur colonne de nickel-agarose (Invitrogen, Xpress protein expression system), selon les instructions du fabricant (élution par 350 mM imidazole). Les aequorines purifiées ont été conservées

à -20°C dans une solution contenant (concentrations finales) imidazole, 175 mM ; EDTA, 10 µM ; BSA, 10 µg/ml et glycérol, 50%.

Expression en lignée cellulaire eucaryote (HEK 293)

Les cDNA de l'aequorine sauvage et des aequorines mutantes, excisés par double coupure *KpnI/SpeI* ou *HindIII/SpeI* ont été sous-clonés aux sites *KpnI/NheI* ou *HindIII/NheI* dans un vecteur d'expression eucaryote, pCMX, sous dépendance du promoteur CMV. Les plasmides résultants ont été co-transfectés avec un plasmide contenant le gène LacZ (β-galactosidase) sous dépendance du promoteur RSV dans les cellules HEK 293. 24 h après la transfection les cellules ont été collectées et resuspendues en tampon PBS.

Test d'activité β-galactosidase.

Un aliquote de la suspension cellulaire a été utilisé pour la mesure de l'activité β-galactosidase (luminescent β-galactosidase detection kit II, Clontech) en plaque 96 puits afin de normaliser les activités aequorine.

Bioluminescence aequorine.

Après ajout de coelenterazine (10 µM final) la suspension cellulaire a été distribuée en plaque 96 puits à raison de 50 µl par puits et incubée 3h à 37°C pour reconstituer l'aequorine. La mesure de l'activité aequorine a été réalisée à l'aide d'un luminomètre à injecteur (PhL, Mediators, Austria). La lumière émise durant les 4 secondes consécutives à l'injection de 100 µl d'une solution contenant CaCl₂, 1,5 mM et triton X100, 0,75% a été mesurée et normalisée par rapport à l'activité β-galactosidase.

Tests de stabilité des aequorines

En bactéries

Pour chaque clone d'aequorine à tester, une colonie a été amplifiée dans 5 ml de LB ampicilline et après centrifugation le culot bactérien a été rincé deux fois par 5 ml d'une solution contenant NaCl, 100 mM ; Tris HCl, 50 mM, pH 8 et EGTA, 1 mM. Les bactéries ont été resuspendues dans 500 µl de la même solution contenant 10 µM de coelenterazine et incubées à 4°C durant la nuit. Après ajout de lysozyme (0,8 mg/ml final) et homogénéisation, des aliquotes de 50 µl ont été prélevés pour les test de stabilité.

Stabilité à 37°C au cours du temps : les aliquotes ont été incubés à 37°C et à différents temps (jusqu'à 72 h), puis ont été distribués en plaque 96 puits à raison de 10 µl par puits. La luminescence activée par injection de 200 µl d'une solution contenant CaCl₂, 2 mM ; NaCl, 100 mM ; Tris HCl pH 8, 50 mM et EGTA, 1 mM (Ca²⁺ libre, ~1 mM) a été mesurée et normalisée par rapport à la valeur obtenue à t₀.

Stabilité à différentes températures : les aliquotes ont été incubés à des températures comprises entre 25 et 55°C durant 30 min puis distribués en plaque 96 puits à raison de 10 µl par puits. La luminescence, mesurée comme ci-dessus, a été normalisée par rapport à la valeur obtenue à 25°C.

Sur protéines purifiées

Les aequorines purifiées ont été reconstituées par dilution 10 dans une solution contenant Tris HCl, 50 mM pH8 ; DTT, 10 mM, EDTA, 1 mM et coelenterazine, 2 µM et incubation 1h à 4°C. Des aliquotes de 50 µl ont ensuite été prélevés pour les test de stabilité. Les mesures de stabilité ont été effectuées comme précédemment, à l'exception de l'étape d'activation réalisée par injection de 100 µl d'une solution contenant CaCl₂, 10 mM ; Tris HCl pH 8, 50 mM et EDTA, 1 mM.

Tests de sensibilité calcique des aequorines

Les aequorines purifiés ont été reconstituées par dilution 10 dans une solution contenant Tris HCl, 50 mM pH8 ; DTT, 10 mM, EDTA, 10 µM et coelenterazine, 2 µM et incubation 1h à 4°C. Les aequorines reconstituées ont été distribuées en plaque 96 puits à raison de 55 µl par puits et activées par 100 µl d'une solution contenant Tris HCl pH 8, 50 mM ; EDTA, 10 µM et des concentrations de Ca²⁺ libres variables (concentrations libres finales après injection : 10⁻⁸ à 10⁻¹ M). Les mesures de luminescence (luminomètre PhL, Mediators) ont été réalisées en mode cinétique (Fast kinetics, Interval 0.1 sec, kinetic points 60). La détermination des courbes de sensibilité calcique a été basée sur les valeurs initiales de luminescence des cinétiques d'émission lumineuse.

B) Obtention de mutants persistants de la photoprotéine aequorine à luminescence prolongée

Protocoles

La procédure employée a consisté en la réalisation d'une banque de mutants aléatoires d'aequorine générés par la technique de "DNA shuffling" (Stemmer, WPC, 1994). Ces mutants, insérés dans un vecteur d'expression procaryotique ont été transformés dans E.Coli et clonés. Les clones ont été criblés individuellement pour une augmentation de la durée d'émission de la bioluminescence. Les meilleurs mutants ont alors été séquencés. Nous avons répertorié six mutations qui prolongent la bioluminescence de l'aequorine. Lors des test subséquents, nous avons pu montrer que ces mutations n'augmentent pas l'émission totale de lumière de l'aequorine mais ralentissent sa cinétique. Pour ces mutants, les tests montrent une augmentation du temps d'émission de la bioluminescence (de l'ordre de la minute) d'environ un facteur dix en système cellulaire procaryotique ou eucaryotique et sur protéine purifiée, par rapport à l'aequorine sauvage (de l'ordre de la seconde). Des données préliminaires indiquent que certains mutants présenteraient une thermostabilité supérieure à celle de l'aequorine sauvage (expériences réalisées sur protéine purifiée). Tous ces mutants sauf un montrent une importante réduction d'affinité pour le calcium par rapport à l'aequorine sauvage.

DNA shuffling

Le cDNA de l'aequorine « sauvage » (Aeqwt, ~600 bp) a été sous-cloné aux sites *KpnI* (5') et *EcoRI* (3') du vecteur pPD16 sous dépendance du promoteur Plac. Ce clone a été nommé pPD-Aeqwt. 20 ng du plasmide pPD-Aeqwt a été digéré par *PstI* et *EagI* (sites externes à l'insert aequorine dans le polylinker de pPD16) et l'insert Aeqwt amplifié par PCR en utilisant les amorces suivantes : up-e-Aeq, 5' CGG GTA CCG ATG CTTTATGATGTTTCCTGAT 3' et lo-e-Aeq, 5' TGGAATTC TTA GGGGACAGCTCCAC 3'. Le produit de PCR résultant a été purifié (Qiaquick extraction kit, Qiagen). 3 µg du produit purifié a été digéré par la DNaseI (1 ng/µl) dans 100 µl de tampon DNase I à 25°C pendant 7 min. Les fragments de digestion compris entre 50 et 300 bp ont été purifiés par électrophorèse sur gel d'agarose.

PCR sans amorces (shuffling)

1 µg des fragments Aeq digérés ont été soumis à une PCR sans amorces dans 50 µl de tampon PCR contenant 200 µM de chaque dNTP, 2,2 mM MgCl₂, 2.5 unités de *taq* polymérase (Qiagen) en effectuant 35 cycles avec 30s à 94°C, 30s à 45°C et 30s à 72°C.

PCR avec amorces

2,5 µl du produit de la réaction de shuffling a été amplifié par 20 cycles de PCR (30s à 94°C, 30s à 58°C et 40s à 72°C) dans 100 µl de tampon de PCR contenant 20 pmole de chaque amorce up-e-Aeq et lo-e-Aeq, 50 µM de chaque dNTP, 1,5 mM MgCl₂ et 2.5 unités de *taq* polymérase (Qiagen).

Banque de mutants

Le produit de la PCR avec amorces (aequorines mutées) a été purifié (Qiaquick extraction kit, Qiagen), digéré *KpnI* / *EcoRI* et sous-cloné dans le vecteur pPD16 sous dépendance du promoteur Plac. La banque d'aequorines mutantes a été transformée dans la souche d'E. Coli XL1 blue (Stratagene), et étalée sur boîtes LB ampicilline.

15840 colonies ont été repiquées individuellement, transférées en plaques 96 puits (Costar) dans 50 µl de LB ampicilline par puits et incubées 4 h à 37°C avec agitation en vue du criblage de leur activité.

Après ajout de 50 µl par puits d'une solution contenant Tris pH8, 100 mM, NaCl, 90 mM, coelenterazin, 5 mM, les plaques à cribler ont été incubées à 4°C durant la nuit pour la reconstitution de l'aequorine (volume final par puits 100 µl).

Criblage

Après 15 minutes à température ambiante, les clones d'aequorines mutées en plaques 96 puits ont été criblées pour leur activité de bioluminescence activée par le Ca²⁺ à l'aide d'un luminomètre à injecteur (PhL, Mediators, Austria). La lumière émise durant les 4 secondes consécutives (t0-4) à l'injection de 100 µl d'une solution contenant CaCl₂, 20 mM et triton X100, 1%, et durant les 4 secondes suivantes (t4-8) a été mesurée pour chaque clone individuellement. Les mutants ayant un rapport t0-4/t4-8 inférieur à 1.5 ont été sélectionnés et réétalés sur boîte LB ampicilline pour confirmation et détermination des meilleurs mutants.

Séquençage des mutants

Le séquençage des mutants (20 mutants séquencés) a été réalisé sur un séquenceur automatique ABI310 (PE applied biosystems) avec les amorces up-e-Aeq et lo-e-Aeq (voir DNA shuffling).

5

Purification des aequorines

Les cDNA de l'aequorine sauvage et des aequorines mutantes, excisés par double coupure *KpnI/EcoRI* ont été sous-clonés dans pRSETC (Invitrogen, Xpress protein expression system). Les plasmides résultants ont été transformés dans la souche d'E.Coli BL21(DE3) pLysS (Invitrogen) pour expression des aequorines. Les aequorines ont été purifiées par chromatographie d'affinité sur colonne de nickel-agarose (Invitrogen, Xpress protein expression system), selon les instructions du fabricant (élution par 350 mM imidazole). Les aequorines purifiées ont été conservées à -20°C dans une solution contenant (concentrations finales) imidazole, 175 mM ; EDTA, 10 μ M ; BSA, 10 μ g/ml et glycérol, 50%.

10
15

Expression en lignée cellulaire eucaryote (HEK 293)

Les cDNA de l'aequorine sauvage et des aequorines mutantes, excisés par double coupure *KpnI/SpeI* ou *HindIII/SpeI* ont été sous-clonés aux sites *KpnI/NheI* ou *HindIII/NheI* dans un vecteur d'expression eucaryote, pCMX, sous dépendance du promoteur CMV. Les plasmides résultants ont été transfectés dans les cellules HEK 293. 24 h après la transfection les cellules ont été collectées et resuspendues en tampon PBS.

20

Après ajout de coelenterazine (10 μ M final) la suspension cellulaire a été distribuée en plaque 96 puits à raison de 50 μ l par puits et incubée 3h à 37°C pour reconstituer l'aequorine. La mesure de l'activité aequorine a été réalisée à l'aide d'un luminomètre à injecteur (PhL, Mediators, Austria). Les cinétiques d'émission de la bioluminescence consécutives à l'injection de 100 μ l d'une solution contenant CaCl₂, 1,5 mM et triton X100, 0,75% ont été déterminées en mode cinétique (Fast kinetics, Interval 0.1-10 sec, kinetic points 60).

25
30

Tests de cinétique de bioluminescence et de sensibilité calcique des aequorines

En bactéries

Pour chaque clone d'aequorine à tester, une colonie a été amplifiée dans 5 ml de LB ampicilline et après centrifugation le culot bactérien a été rincé deux fois par 5 ml d'une solution contenant NaCl, 100 mM ; Tris HCl, 50 mM, pH 8 et EGTA, 1 mM. Les bactéries ont été resuspendues dans 500 μ l de la même solution contenant 10 μ M de coelenterazine et incubées à 4°C durant la nuit. Après ajout de lysozyme (0,8 mg/ml final) et homogénéisation, des aliquotes de 50 μ l ont été prélevés pour les test de cinétique et/ou de sensibilité calcique comme décrit ci-dessous.

Sur protéines purifiées

Les aequorines purifiées ont été reconstituées par dilution 10 dans une solution contenant Tris HCl, 50 mM pH8 ; DTT, 10 mM, EDTA, 10 μ M et coelenterazine, 2 μ M et incubation 1h à 4°C. Les aequorines reconstituées ont été distribuées en plaque 96 puits à raison de 55 μ l par puits et activées par 100 μ l d'une solution contenant Tris HCl pH 8, 50 mM ; EDTA, 10 μ M et des concentrations de Ca^{2+} libres variables (concentrations libres finales après injection : 10^{-8} à 10^{-1} M). Les mesures de luminescence (luminomètre PhL, Mediators) ont été réalisées en mode cinétique (Fast kinetics, Interval 0.1-10 sec, kinetic points 60). La détermination des courbes de sensibilité calcique a été basée sur les valeurs initiales de luminescence des cinétiques d'émission lumineuse.

C) Applications industrielles des mutants de la photoprotéine aequorine

1) Détection *in vitro* de molécules organiques (acides nucléiques, protéines, antigènes etc.)

Ces tests de détection sont basés sur l'immobilisation de la molécule à détecter et sur la fixation spécifique de la photoprotéine à cette molécule. L'immobilisation et la fixation spécifique sont réalisées par des moyens très divers en fonction du type de molécule à détecter et du type d'échantillon à analyser. La quantité de la molécule à détecter dans l'échantillon est ensuite déterminée par activation de la photoprotéine fixée et mesure de la bioluminescence émise.

a) Détection d'acides nucléiques

La détection de séquences d'acides nucléiques peut être réalisée, soit après une étape d'amplification par PCR (ADN) ou RT-PCR (ARN) ou par toute autre technique d'amplification d'acides nucléiques, soit directement. Après immobilisation des molécules d'acides nucléiques ou de leurs produits d'amplification, les molécules sont détectées par hybridation d'une sonde. L'hybridation de la sonde est ensuite révélée grâce à une photoprotéine couplée directement à la sonde ou liée de façon subséquente à celle-ci. Les molécules d'acides nucléiques ou de leurs produits d'amplification sont quantifiées par l'intensité de la bioluminescence émise.

Les principales références bibliographiques décrivant de tels procédés sont les suivantes :

1- Lewis JC, Daunert S. Photoproteins as luminescent labels in binding assays. *Fresenius J Anal Chem.* 2000 Mar-Apr;366(6-7):760-8

2- Coombes BK, Mahony JB. Nucleic acid sequence based amplification (NASBA) of *Chlamydia pneumoniae* major outer membrane protein (ompA) mRNA with bioluminescent detection. *Comb Chem High Throughput Screen.* 2000 Aug;3(4):315-27.

3- Laios E, Ioannou PC, Christopoulos TK. Enzyme-amplified aequorin-based bioluminometric hybridization assays. *Anal Chem.* 2001 Feb 1;73(3):689-92.

4- Actor JK. Bioluminescent quantitation and detection of gene expression during infectious disease. *Comb Chem High Throughput Screen.* 2000 Aug;3(4):273-88.

5- White SR, Christopoulos TK. Signal amplification system for DNA hybridization assays based on in vitro expression of a DNA label encoding apoaequorin. *Nucleic Acids Res.* 1999 Oct 1;27(19):e25.

6- Guenther PC, Hart CE. Quantitative, competitive PCR assay for HIV-1 using a microplate-based detection system. *Biotechniques.* 1998 May;24(5):810-6.

b) Détection de protéines ou d'antigènes

Après immobilisation, les protéines et antigènes sont détectés par association spécifique avec une sonde (association du type antigène-anticorps ou ligand-récepteur). La fixation de la sonde est ensuite révélée grâce à une photoprotéine couplée directement à la sonde ou liée de façon subséquente à celle-ci. Les molécules de protéines ou d'antigènes sont quantifiées par l'intensité de la bioluminescence émise.

Les principales références bibliographiques décrivant de tels procédés sont les suivantes :

1-Jackson RJ, Fujihashi K, Kiyono H, McGhee JR. Luminometry: a novel bioluminescent immunoassay enhances the quantitation of mucosal and systemic antibody responses. J Immunol Methods. 1996 Apr 19;190(2):189-97.

2-Mattox S, Walrath K, Ceiler D, Smith DF, Cummings RD. A solid-phase assay for the activity of CMPNeuAc:Gal beta 1-4GlcNAc-R alpha-2,6-sialyltransferase. Anal Biochem. 1992 Nov 1;206(2):430-6.

2) Détections d'activités enzymatiques

Des substrats protéiques composés en partie d'une photoprotéine (type protéine de fusion) peuvent permettre de mesurer des activités enzymatiques *in vitro* ou en systèmes cellulaires. Les activités enzymatiques détectables sont, par exemple, du type « modification de protéines » (protéases, kinases, glycosylases, etc.). Ce type de mesure peut servir au criblage de molécules activant ou inhibant une activité enzymatique spécifique (par exemple en référence 1, détection de l'activité de la protéase d'HIV-1).

Pour les mesures *in vitro*, le substrat protéique contenant la photoprotéine, ou l'échantillon à doser, sont immobilisés. L'activité enzymatique est ensuite quantifiée par l'intensité de la bioluminescence émise. Le même type de mesure peut être réalisé en systèmes cellulaires exprimant le gène correspondant au substrat protéique contenant la photoprotéine. Les activités enzymatiques cellulaires sont alors quantifiées par activation de la photoprotéine et mesure de l'intensité de la bioluminescence émise.

Un tel procédé est décrit notamment dans Deo SK, Lewis JC, Daunert S. Bioluminescence detection of proteolytic bond cleavage by using recombinant aequorin. Anal Biochem. 2000 May 15;281(1):87-94.

3) Détection des variations de calcium intracellulaire en systèmes cellulaires.

Les photoprotéines de type aequorine exprimées en lignées cellulaires (procaryotiques ou eucaryotiques) permettent de détecter les variations de calcium intracellulaire induites par divers agents. Les variations de calcium intracellulaire sont détectées par les variations correspondantes de la bioluminescence émise. L'application la plus courante utilise des lignées eucaryotes du type HEK 293 co-exprimant

l'aequorine et un récepteur de neurotransmetteur (récepteur-canal ou récepteur couplé à une protéine G) pour cribler des agents pharmacologiques ou des ligands naturels agissant sur le récepteur. Inversement, ces systèmes peuvent être utilisés pour cribler des banques d'ADN à la recherche des récepteurs activés par un agent pharmacologique ou un ligand naturel. Le crible est basé sur la variation de bioluminescence induite par l'application de l'agent pharmacologique ou du ligand naturel.

Les principales références bibliographiques décrivant de tels procédés sont les suivantes :

1- Button D, Brownstein M. Aequorin-expressing mammalian cell lines used to report Ca^{2+} mobilization. *Cell Calcium*. 1993 Oct;14(9):663-71.

2- Ungrin MD, Singh LM, Stocco R, Sas DE, Abramovitz M. An automated aequorin luminescence-based functional calcium assay for G-protein-coupled receptors. *Anal Biochem*. 1999 Jul 15;272(1):34-42.

3- Schaeffer MT, Cully D, Chou M, Liu J, Van der Ploeg LH, Fong TM. Use of bioluminescent aequorin for the pharmacological characterization of 5HT receptors. *J Recept Signal Transduct Res*. 1999 Nov;19(6):927-38.

4- George SE, Schaeffer MT, Cully D, Beer MS, McAllister G. A high-throughput glow-type aequorin assay for measuring receptor-mediated changes in intracellular calcium levels. *Anal Biochem*. 2000 Nov 15;286(2):231-7.

5- Parnot C, Bardin S, Miserey-Lenkei S, Guedin D, Corvol P, Clauser E. Systematic identification of mutations that constitutively activate the angiotensin II type 1A receptor by screening a randomly mutated cDNA library with an original pharmacological bioassay. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2000 Jun 20;97(13):7615-20.

6- Kotani M, Mollereau C, Detheux M, Le Poul E, Brezillon S, Vakili J, Mazarguil H, Vassart G, Zajac JM, Parmentier M. Functional characterization of a human receptor for neuropeptide FF and related peptides. *Br J Pharmacol*. 2001 May 1;133(1):138-144.

REVENDICATIONS

1. Utilisation de photoprotéines isolées de méduses pour la préparation de
5 photoprotéines mutées ayant une thermostabilité supérieure à celle des photoprotéines
dont elles dérivent, encore désignées photoprotéines mutées thermostables, et/ou par un
temps de luminescence supérieur à celui des photoprotéines dont elles dérivent, encore
désignées photoprotéines mutées persistantes, lesdites photoprotéines mutées étant
10 caractérisées en ce que leur stabilité dans le temps est augmentée à 37°C d'un facteur
d'au moins environ 10, et/ou en ce que leur temps de luminescence est augmenté d'un
facteur d'au moins environ 10, par rapport aux photoprotéines dont elles dérivent

2. Procédé de préparation de photoprotéines mutées thermostables, et/ou
persistantes, lesdites photoprotéines mutées étant caractérisées en ce que leur stabilité
15 dans le temps est augmentée à 37°C d'un facteur d'au moins environ 10, et/ou en ce que
leur temps de luminescence est augmenté d'un facteur d'au moins environ 10, par
rapport aux photoprotéines de méduse dont elles dérivent, caractérisé en ce qu'il
comprend la mise en œuvre d'une ou plusieurs mutations desdites photoprotéines de
méduse, lesdites mutations étant choisies parmi :

20 * au moins une des trois mutations augmentant la thermostabilité desdites
photoprotéines, et choisie parmi les suivantes :

- suppression de la lysine (K) contenue dans le motif RHKX₁MF₂ dans lequel
X₁=H ou F, et X₂= N ou D, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites
photoprotéines, ou substitution de cette lysine par un acide aminé naturel ou non,
25 notamment substitution de cette lysine par une arginine,

- suppression de la glutamine (Q) contenue dans le motif DEMTRQHLGFWY, ce
motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cette
glutamine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette glutamine
par une arginine,

30 - suppression de la leucine (L) contenue dans le motif DEMTRQHLGFWY
susmentionné, ou substitution de cette leucine par un acide aminé naturel ou non,
notamment substitution de cette leucine par une isoleucine,

* et/ou au moins une des six mutations augmentant le temps de
luminescence desdites photoprotéines, et choisie parmi les suivantes :

- suppression du glutamate (E) contenu dans le motif $DX_1NX_2X_3GX_4IX_5LX_6E$ dans lequel $X_1=V$ ou I , $X_2=H$, G ou S , $X_3=N$ ou D , $X_4=K$ ou Q , $X_5=S$, T ou N , et $X_6=D$ ou N , ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de ce glutamate par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de ce glutamate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

- suppression du premier aspartate (D) contenu dans le motif $DKDX_1X_2GX_3X_4X_5LDE$ dans lequel $X_1=Q$, G ou R , $X_2=N$ ou S , $X_3=A$, S ou T , $X_4=I$ ou V , et $X_5=T$ ou S , ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cet aspartate par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cet aspartate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

- suppression du glutamate (E) contenu dans le motif $DKDX_1X_2GX_3X_4X_5LDE$ susmentionné, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de ce glutamate par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de ce glutamate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

- suppression de la phénylalanine (F) contenue dans le motif $EX_1TFX_2X_3$ dans lequel $X_1=E$, K ou A , $X_2=R$, K ou A , et $X_3=V$ ou H , ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cette phénylalanine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette phénylalanine par une sérine, ou par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

- suppression du premier aspartate (D) contenu dans le motif $DX_1DX_2X_3GX_4LDVDE$, dans lequel $X_1=I$ ou L , $X_2=E$, N ou G , $X_3=S$ ou D , et $X_4=Q$, K ou D , ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cet aspartate par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cet aspartate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

- suppression de la valine en position 54 de la séquence peptidique SEQ ID NO : 2 de l'aequorine, ou substitution de cette valine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette valine par une alanine, ou par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine.

3. Photoprotéines mutées dérivées des photoprotéines isolées de méduses, caractérisées en ce que leur stabilité dans le temps est augmentée à 37°C d'un facteur d'au moins environ 10, et/ou en ce que leur temps de luminescence est augmenté d'un facteur d'au moins environ 10, par rapport aux photoprotéines dont elles dérivent.

5

4. Photoprotéines mutées selon la revendication 3, caractérisées en ce qu'elles sont stables pendant au moins environ 30 minutes jusqu'à la température d'environ 50°C, et en ce qu'elles peuvent être conservées pendant au moins environ 4 jours à des températures pouvant atteindre jusqu'à 37°C, et/ou en ce que leur temps de luminescence est compris entre environ 1 min et environ 5 min.

10

5. Photoprotéines mutées selon l'une des revendications 3 ou 4, caractérisées en ce qu'elles comprennent

15

* au moins une des trois mutations augmentant leur thermostabilité, choisie parmi les suivantes :

- suppression de la lysine (K) contenue dans le motif RHKX₁MF_{X₂} dans lequel X₁=H ou F, et X₂= N ou D, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cette lysine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette lysine par une arginine,

20

- suppression de la glutamine (Q) contenue dans le motif DEMTRQHLGFWY, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cette glutamine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette glutamine par une arginine,

25

- suppression de la leucine (L) contenue dans le motif DEMTRQHLGFWY susmentionné, ou substitution de cette leucine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette leucine par une isoleucine,

* et/ou au moins une des six mutations augmentant leur temps de luminescence, choisie parmi les suivantes :

30

- suppression du glutamate (E) contenu dans le motif DX₁NX₂X₃GX₄IX₅LX₆E dans lequel X₁=V ou I, X₂=H, G ou S, X₃=N ou D, X₄=K ou Q, X₅=S, T ou N, et X₆=D ou N, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de ce glutamate par un acide aminé naturel ou non, à l'exclusion de la sérine, notamment substitution de ce glutamate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

- suppression du premier aspartate (D) contenu dans le motif DKDX₁X₂GX₃X₄X₅LDE dans lequel X₁=Q, G ou R, X₂=N ou S, X₃=A, S ou T, X₄=I ou V, et X₅=T ou S, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cet aspartate par un acide aminé naturel ou non, à l'exclusion de la sérine, notamment substitution de cet aspartate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

- suppression du glutamate (E) contenu dans le motif DKDX₁X₂GX₃X₄X₅LDE susmentionné, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de ce glutamate par un acide aminé naturel ou non, à l'exclusion de la sérine, notamment substitution de ce glutamate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

- suppression de la phénylalanine (F) contenue dans le motif EX₁TFX₂X₃ dans lequel X₁=E, K ou A, X₂=R, K ou A, et X₃=V ou H, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cette phénylalanine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette phénylalanine par une sérine, ou par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

- suppression du premier aspartate (D) contenu dans le motif DX₁DX₂X₃GX₄LDVDE, dans lequel X₁=I ou L, X₂=E, N ou G, X₃=S ou D, et X₄=Q, K ou D, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cet aspartate par un acide aminé naturel ou non, à l'exclusion de la sérine, notamment substitution de cet aspartate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

- suppression de la valine en position 54 de la séquence peptidique SEQ ID NO : 2 de l'aequorine, ou substitution de cette valine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette valine par une alanine, ou par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine.

6. Photoprotéines mutées thermostables selon l'une des revendications 3 à 5, caractérisées en ce qu'elles comprennent au moins une des deux mutations suivantes :

- suppression de la glutamine contenue dans le motif DEMTRQHLGFWY, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de cette glutamine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette glutamine par une arginine,

- suppression de la leucine contenue dans le motif DEMTRQHLGFWY susmentionné, ou substitution de cette leucine par un acide aminé naturel ou non, notamment substitution de cette leucine par une isoleucine.

5 7. Photoprotéines mutées persistantes selon l'une des revendications 3 à 5, caractérisées en ce qu'elles comprennent au moins une des mutations suivantes :

- suppression du premier aspartate (D) contenu dans le motif DKDX₁X₂GX₃X₄X₅LDE dans lequel X₁=Q, G ou R, X₂=N ou S, X₃=A, S ou T, X₄=I ou V, et X₅=T ou S, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou
10 substitution de cet aspartate par un acide aminé naturel ou non, à l'exclusion de la sérine, notamment substitution de cet aspartate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

- suppression du glutamate (E) contenu dans le motif DKDX₁X₂GX₃X₄X₅LDE susmentionné, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou
15 substitution de ce glutamate par un acide aminé naturel ou non, à l'exclusion de la sérine, notamment substitution de ce glutamate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine,

- suppression du premier aspartate (D) contenu dans le motif DX₁DX₂X₃GX₄LDVDE, dans lequel X₁=I ou L, X₂=E, N ou G, X₃=S ou D, et X₄=Q, K ou D, ce motif peptidique étant conservé chez lesdites photoprotéines, ou substitution de
20 cet aspartate par un acide aminé naturel ou non, à l'exclusion de la sérine, notamment substitution de cet aspartate par un acide aminé de petite taille tel que la glycine, l'alanine, la cystéine, ou la thréonine.

25 8. Photoprotéines mutées selon l'une des revendications 3 à 7, caractérisées en ce qu'elles dérivent de l'aequorine (SEQ ID NO : 2), de la clytine (SEQ ID NO : 18), de la mitrocomine (SEQ ID NO : 34), et de l'obéline (SEQ ID NO : 50).

 9. Photoprotéines mutées thermostables selon la revendication 8, choisies parmi :

30 - les protéines dérivées de l'aequorine comprenant les séquences suivantes : SEQ ID NO : 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16,

- les protéines dérivées de la clytine comprenant les séquences suivantes : SEQ ID NO : 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32,

- les protéines de la mitrocomine comprenant les séquences suivantes : SEQ ID NO : 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48,

- les protéines dérivées de l'obéline comprenant les séquences suivantes : SEQ ID NO : 52, 54, 56, 58, 60, 62, 64.

5

10. Photoprotéines mutées persistantes selon la revendication 8, choisies parmi :

- les protéines dérivées de l'aequorine comprenant les séquences suivantes : SEQ ID NO : 66, 68, 70, 72, 74, 76,

- les protéines dérivées de la clytine comprenant les séquences suivantes : SEQ ID NO : 78, 80, 82, 84, et 86,

- les protéines de la mitrocomine comprenant les séquences suivantes : SEQ ID NO : 88, 90, 92, 94, et 96,

- les protéines dérivées de l'obéline comprenant les séquences suivantes : SEQ ID NO : 98, 100, 102, 104, et 106.

15

11. Photoprotéines mutées thermostables et persistantes selon la revendication 8, choisies parmi :

- les protéines dérivées de l'aequorine de séquences SEQ ID NO : 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, et correspondant aux séquences SEQ ID NO : 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, dans lesquelles E en position 45 est remplacé par G, et/ou V en position 54 est remplacé par A, et/ou D en position 127 est remplacé par G, et/ou E en position 138 est remplacé par G, et/ou F en position 159 est remplacé par S, et/ou D en position 163 est remplacé par G,

- les protéines dérivées de la clytine de séquences SEQ ID NO : 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, et correspondant aux séquences suivantes : SEQ ID NO : 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, dans lesquelles E en position 44 est remplacé par G, et/ou D en position 126 est remplacé par G, et/ou E en position 137 est remplacé par G, et/ou F en position 158 est remplacé par S, et/ou D en position 162 est remplacé par G,

- les protéines de la mitrocomine de séquences SEQ ID NO : 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, et correspondant aux séquences suivantes : SEQ ID NO : 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, dans lesquelles E en position 43 est remplacé par G, et/ou D en position 125 est remplacé par G, et/ou E en position 136 est remplacé par G, et/ou F en position 157 est remplacé par S, et/ou D en position 161 est remplacé par G,

30

- 5 - les protéines dérivées de l'obéline de séquences SEQ ID NO : 128, 129, 130, 131, 132, 133, 134, et correspondant aux séquences suivantes : SEQ ID NO : 52, 54, 56, 58, 60, 62, 64, dans lesquelles E en position 41 est remplacé par G, et/ou D en position 123 est remplacé par G, et/ou E en position 134 est remplacé par G, et/ou F en position 155 est remplacé par S, et/ou D en position 159 est remplacé par G.

12. Photoprotéines mutées selon l'une des revendications 1 à 11, caractérisées en ce qu'elles sont liées :

- 10 - à une sonde protéique ou nucléique susceptible de reconnaître des antigènes ou protéines ou acides nucléiques déterminés,
 - ou à un substrat spécifique d'une activité enzymatique déterminée,
 - ou à une molécule susceptible de former un complexe avec une autre molécule, tel que le complexe avidine-biotine.

15 13. Séquences nucléotidiques codant pour les photoprotéines mutées selon l'une des revendications 3 à 12.

20 14. Séquences nucléotidiques selon la revendication 13, codant pour les photoprotéines mutées selon les revendications 9 à 11, choisies parmi les acides nucléiques comprenant les séquences SEQ ID NO : 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 51, 53, 55, 57, 59, 61, 63, 65, 67, 69, 71, 73, 75, 77, 79, 81, 83, 85, 87, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, ou toute séquence nucléotidique dérivée par dégénérescence du code génétique des séquences susmentionnées et codant pour les photoprotéines mutées selon les revendications 9 à 25 11.

15. Vecteur, tel qu'un plasmide, contenant une séquence recombinante comprenant une séquence nucléotidique selon la revendication 13 ou 14.

30 16. Cellules hôtes, telles que cellules procaryotes, notamment *E. coli*, ou eucaryotes, notamment les lignées HEK 293, ou CHO, transformées par un vecteur selon la revendication 15.

17. Procédé de préparation de photoprotéines mutées selon l'une des revendications 3 à 12, caractérisé en ce qu'il comprend l'utilisation d'un vecteur selon la revendication 15 capable de produire lesdites photoprotéines, ou la transformation de cellules hôtes appropriées à l'aide d'un vecteur susmentionné, la mise en culture de cellules hôtes transformées selon la revendication 16 ainsi obtenues dans un milieu approprié, et la récupération, le cas échéant après purification, des photoprotéines mutées produites par ces cellules.

18. Utilisation de photoprotéines mutées selon l'une des revendications 3 à 12, ou de cellules hôtes transformées selon la revendication 16 exprimant lesdites photoprotéines mutées, dans le cadre de la mise en œuvre :

- de procédés de détection *in vitro* de molécules, tels que des protéines ou antigènes ou des acides nucléiques dans un échantillon biologique, notamment dans le cadre du dépistage *in vitro* de bactéries telles que les *Listeria* dans les aliments, ou dans le cadre du dépistage d'agents pathogènes tels que le virus VIH chez l'homme,

- de procédés de détection de composés à activité enzymatique dans un échantillon biologique, notamment dans le cadre du criblage de molécules activant ou inhibant une activité enzymatique spécifique,

- de procédés de détection des variations de calcium intracellulaire induites par divers agents, notamment dans le cadre du criblage de molécules agissant sur une séquence nucléique ou protéique fusionnée à la photoprotéine mutée, ou coexprimée avec la photoprotéine mutée dans des cellules hôtes susmentionnées.

19. Procédés de détection *in vitro* de protéines ou antigènes ou d'acides nucléiques dans un échantillon biologique, tels que définis dans la revendication 18, caractérisés en ce qu'ils comprennent principalement les étapes suivantes :

- le cas échéant, une étape d'amplification du nombre d'acides nucléiques présents dans l'échantillon biologique,

- immobilisation des protéines ou antigènes ou acides nucléiques sur un support approprié, puis addition d'une sonde spécifique desdits protéines ou antigènes ou acides nucléiques et rinçage, ladite sonde étant liée à une photoprotéine selon la revendication 12, ou ladite photoprotéine étant additionnée sur le support avec les réactifs appropriés pour sa liaison à ladite sonde,

- mesure de l'intensité de la bioluminescence émise après l'étape de rinçage.

20. Procédés de détection *in vitro* de composés à activité enzymatique dans un échantillon biologique tels que définis dans la revendication 18, caractérisés en ce qu'ils comprennent principalement les étapes suivantes :

5 - immobilisation sur un support approprié d'un substrat protéique spécifique de l'activité enzymatique à détecter, ce substrat étant lié à une photoprotéine selon la revendication 12, addition de l'échantillon biologique, puis rinçage,

 - ou immobilisation sur un support approprié des composés de l'échantillon biologique, addition du substrat protéique lié à une photoprotéine selon la revendication 10 12, puis rinçage,

 - mesure de l'intensité de la bioluminescence émise après l'étape de rinçage.

21. Procédés de détection *in vitro* des variations de calcium intracellulaire induites par divers agents tels que définis dans la revendication 18, caractérisés en ce qu'il 15 comprend la mise en culture de cellules transformées selon la revendication 16, avec l'échantillon contenant les molécules à détecter, et la mesure de la variation de bioluminescence.

22. Procédés selon l'une des revendications 19 à 21, caractérisés en ce qu'ils 20 peuvent être effectués jusqu'à des températures d'environ 50 °C, à l'aide de photoprotéines thermostables, et, le cas échéant, persistantes, selon l'une des revendications 3 à 12.

23. Procédés selon l'une des revendications 19 à 22, caractérisés en ce qu'ils 25 peuvent être effectués en simultanés sur échantillons multiples, à l'aide de photoprotéines persistantes, et, le cas échéant, thermostables, selon l'une des revendications 3 à 12.

24. Kits pour la mise en œuvre de procédés selon l'une des revendications 19 à 23, 30 caractérisés en ce qu'ils comprennent des photoprotéines mutées selon l'une des revendications 3 à 12, le cas échéant en association avec des réactifs nécessaires à la mise en œuvre desdits procédés.

5 **25.** Kits selon la revendication 24, caractérisés en ce qu'ils peuvent être conservés en solutions prêtes à l'emploi, notamment pendant au moins 4 jours à des températures ambiantes d'environ 20°C et pouvant atteindre jusqu'à environ 37°C, lorsqu'ils contiennent des photoprotéines thermostables, et, le cas échéant, persistantes, selon l'une des revendications 3 à 12.

SEQUENCE LISTING

<110> CNRS

<120> PHOTOPROTEINES MUTEES ET LEURS APPLICATIONS

<130> IFB 01 AJ CNR MEDU

<140> FR 01 09293

<141> 2001-07-12

<160> 134

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 600

<212> DNA

<213> Aequorea victoria

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(600)

<223>

<400> 1

atg	ctt	tat	gat	gtt	cct	gat	tat	gct	agc	ctc	aaa	ctt	aca	tca	gac	48
Met	Leu	Tyr	Asp	Val	Pro	Asp	Tyr	Ala	Ser	Leu	Lys	Leu	Thr	Ser	Asp	
1				5				10					15			

ttc	gac	aac	cca	aga	tgg	att	gga	cga	cac	aag	cat	atg	ttc	aat	ttc	96
Phe	Asp	Asn	Pro	Arg	Trp	Ile	Gly	Arg	His	Lys	His	Met	Phe	Asn	Phe	
		20					25					30				

ctt	gat	gtc	aac	cac	aat	gga	aaa	atc	tct	ctt	gac	gag	atg	gtc	tac	144
Leu	Asp	Val	Asn	His	Asn	Gly	Lys	Ile	Ser	Leu	Asp	Glu	Met	Val	Tyr	
		35				40					45					

aag	gca	tct	gat	att	gtc	atc	aat	aac	ctt	gga	gca	aca	cct	gag	caa	192
Lys	Ala	Ser	Asp	Ile	Val	Ile	Asn	Asn	Leu	Gly	Ala	Thr	Pro	Glu	Gln	
	50					55				60						

gcc	aaa	cga	cac	aaa	gat	gct	gta	gaa	gcc	ttc	ttc	gga	gga	gct	gga	240
Ala	Lys	Arg	His	Lys	Asp	Ala	Val	Glu	Ala	Phe	Phe	Gly	Gly	Ala	Gly	
65				70				75						80		

atg	aaa	tat	ggg	gtg	gaa	act	gat	tgg	cct	gca	tat	att	gaa	gga	tgg	288
Met	Lys	Tyr	Gly	Val	Glu	Thr	Asp	Trp	Pro	Ala	Tyr	Ile	Glu	Gly	Trp	
			85					90						95		

aaa	aaa	ttg	gct	act	gat	gaa	ttg	gag	aaa	tac	gcc	aaa	aac	gaa	cca	336
Lys	Lys	Leu	Ala	Thr	Asp	Glu	Leu	Glu	Lys	Tyr	Ala	Lys	Asn	Glu	Pro	
		100					105						110			

acg ctc atc cgt ata tgg ggt gat gct ttg ttt gat atc gtt gac aaa 384
Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
115 120 125

gat caa aat gga gcc att aca ctg gat gaa tgg aaa gca tac acc aaa 432
Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
130 135 140

gct gct ggt atc atc caa tca tca gaa gat tgc gag gaa aca ttc aga 480
Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
145 150 155 160

gtg tgc gat att gat gaa agt gga caa ctc gat gtt gat gag atg aca 528
Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
165 170 175

aga caa cat tta gga ttt tgg tac acc atg gat cct gct tgc gaa aag 576
Arg Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
180 185 190

ctc tac ggt gga gct gtc ccc taa 600
Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
195

<210> 2

<211> 199

<212> PRT

<213> Aequorea victoria

<400> 2

Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
1 5 10 15

Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Lys His Met Phe Asn Phe
20 25 30

Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
35 40 45

Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
50 55 60

Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
65 70 75 80

Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
85 90 95

Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
100 105 110

Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
115 120 125

Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140
 Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160
 Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175
 Arg Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190
 Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 3

<211> 600

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(600)

<223>

<400> 3

atg ctt tat gat gtt cct gat tat gct agc ctc aaa ctt aca tca gac 48
 Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15

ttc gac aac cca aga tgg att gga cga cac agg cat atg ttc aat ttc 96
 Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Arg His Met Phe Asn Phe
 20 25 30

ctt gat gtc aac cac aat gga aaa atc tct ctt gac gag atg gtc tac 144
 Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
 35 40 45

aag gca tct gat att gtc atc aat aac ctt gga gca aca cct gag caa 192
 Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60

gcc aaa cga cac aaa gat gct gta gaa gcc ttc ttc gga gga gct gga 240
 Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80

atg aaa tat ggt gtg gaa act gat tgg cct gca tat att gaa gga tgg 288
 Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95

aaa aaa ttg gct act gat gaa ttg gag aaa tac gcc aaa aac gaa cca 336
 Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110

acg ctc atc cgt ata tgg ggt gat gct ttg ttt gat atc gtt gac aaa 384
 Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
 115 120 125

gat caa aat gga gcc att aca ctg gat gaa tgg aaa gca tac acc aaa 432
 Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140

gct gct ggt atc atc caa tca tca gaa gat tgc gag gaa aca ttc aga 480
 Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160

gtg tgc gat att gat gaa agt gga caa ctc gat gtt gat gag atg aca 528
 Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175

aga caa cat tta gga ttt tgg tac acc atg gat cct gct tgc gaa aag 576
 Arg Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190

ctc tac ggt gga gct gtc ccc taa 600
 Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 4

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<400> 4

Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15

Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Arg His Met Phe Asn Phe
 20 25 30

Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
 35 40 45

Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60

Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80

Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95

Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110

Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
 115 120 125

Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140

Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160
 Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175
 Arg Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190
 Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 5

<211> 600

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(600)

<223>

<400> 5

atg ctt tat gat gtt cct gat tat gct agc ctc aaa ctt aca tca gac 48
 Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15

ttc gac aac cca aga tgg att gga cga cac aag cat atg ttc aat ttc 96
 Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Lys His Met Phe Asn Phe
 20 25 30

ctt gat gtc aac cac aat gga aaa atc tct ctt gac gag atg gtc tac 144
 Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
 35 40 45

aag gca tct gat att gtc atc aat aac ctt gga gca aca cct gag caa 192
 Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60

gcc aaa cga cac aaa gat gct gta gaa gcc ttc ttc gga gga gct gga 240
 Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80

atg aaa tat ggt gtg gaa act gat tgg cct gca tat att gaa gga tgg 288
 Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95

aaa aaa ttg gct act gat gaa ttg gag aaa tac gcc aaa aac gaa cca 336
 Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110

acg ctc atc cgt ata tgg ggt gat gct ttg ttt gat atc gtt gac aaa 384
 Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
 115 120 125

gat caa aat gga gcc att aca ctg gat gaa tgg aaa gca tac acc aaa 432
 Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140
 gct gct ggt atc atc caa tca tca gaa gat tgc gag gaa aca ttc aga 480
 Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160
 gtg tgc gat att gat gaa agt gga caa ctc gat gtt gat gag atg aca 528
 Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175
 aga cga cat tta gga ttt tgg tac acc atg gat cct gct tgc gaa aag 576
 Arg Arg His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190
 ctc tac ggt gga gct gtc ccc taa 600
 Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 6

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<400> 6

Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15
 Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Lys His Met Phe Asn Phe
 20 25 30
 Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
 35 40 45
 Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60
 Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80
 Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95
 Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110
 Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
 115 120 125
 Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140
 Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160

7

[illegible]

<210> 7

<211> 600

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (600)

<223>

<400> 7

atg	ctt	tat	gat	gtt	cct	gat	tat	gct	agc	ctc	aaa	ctt	aca	tca	gac	48
Met	Leu	Tyr	Asp	Val	Pro	Asp	Tyr	Ala	Ser	Leu	Lys	Leu	Thr	Ser	Asp	
1				5					10					15		
ttc	gac	aac	cca	aga	tgg	att	gga	cga	cac	aag	cat	atg	ttc	aat	ttc	96
Phe	Asp	Asn	Pro	Arg	Trp	Ile	Gly	Arg	His	Lys	His	Met	Phe	Asn	Phe	
			20					25					30			
ctt	gat	gtc	aac	cac	aat	gga	aaa	atc	tct	ctt	gac	gag	atg	gtc	tac	144
Leu	Asp	Val	Asn	His	Asn	Gly	Lys	Ile	Ser	Leu	Asp	Glu	Met	Val	Tyr	
			35				40					45				
aag	gca	tct	gat	att	gtc	atc	aat	aac	ctt	gga	gca	aca	cct	gag	caa	192
Lys	Ala	Ser	Asp	Ile	Val	Ile	Asn	Asn	Leu	Gly	Ala	Thr	Pro	Glu	Gln	
			50			55					60					
gcc	aaa	cga	cac	aaa	gat	gct	gta	gaa	gcc	ttc	ttc	gga	gga	gct	gga	240
Ala	Lys	Arg	His	Lys	Asp	Ala	Val	Glu	Ala	Phe	Phe	Gly	Gly	Ala	Gly	
65					70				75						80	
atg	aaa	tat	ggt	gtg	gaa	act	gat	tgg	cct	gca	tat	att	gaa	gga	tgg	288
Met	Lys	Tyr	Gly	Val	Glu	Thr	Asp	Trp	Pro	Ala	Tyr	Ile	Glu	Gly	Trp	
				85					90					95		
aaa	aaa	ttg	gct	act	gat	gaa	ttg	gag	aaa	tac	gcc	aaa	aac	gaa	cca	336
Lys	Lys	Leu	Ala	Thr	Asp	Glu	Leu	Glu	Lys	Tyr	Ala	Lys	Asn	Glu	Pro	
			100					105					110			
acg	ctc	atc	cgt	ata	tgg	ggt	gat	gct	ttg	ttt	gat	atc	gtt	gac	aaa	384
Thr	Leu	Ile	Arg	Ile	Trp	Gly	Asp	Ala	Leu	Phe	Asp	Ile	Val	Asp	Lys	
			115				120					125				

gat caa aat gga gcc att aca ctg gat gaa tgg aaa gca tac acc aaa 432
 Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140
 gct gct ggt atc atc caa tca tca gaa gat tgc gag gaa aca ttc aga 480
 Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160
 gtg tgc gat att gat gaa agt gga caa ctc gat gtt gat gag atg aca 528
 Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175
 aga caa cat ata gga ttt tgg tac acc atg gat cct gct tgc gaa aag 576
 Arg Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190
 ctc tac ggt gga gct gtc ccc taa 600
 Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 8

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<400> 8

Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15
 Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Lys His Met Phe Asn Phe
 20 25 30
 Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
 35 40 45
 Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60
 Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80
 Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95
 Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110
 Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
 115 120 125
 Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140
 Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160

```
Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr  
          165                      170                  175  
  
Arg Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys  
          180                      185                  190  
  
Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro  
        195
```

<210> 9

<211> 600

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (1) . . (600)

<223>

<400> 9

atg ctt tat gat gtt cct gat tat gct agc ctc aaa ctt aca tca gac 48
Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
1 5 10 15

ttc gac aac cca aga tgg att gga cga cac agg cat atg ttc aat ttc 96
Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Arg His Met Phe Asn Phe
20 25 30

ctt gat gtc aac cac aat gga aaa atc tct ctt gac gag atg gtc tac 144
 Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
 35 40 45

aag gca tct gat att gtc atc aat aac ctt gga gca aca cct gag caa 192
Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
50 55 60

gcc aaa cga cac aaa gat gct gta gaa gcc ttc ttc gga gga gct gga 240
Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
65 70 75 80

atg aaa tat ggt gtg gaa act gat tgg cct gca tat att gaa gga tgg 288
Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
85 90 95

aaa aaa ttg gct act gat gaa ttg gag aaa tac gcc aaa aac gaa cca 336
Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
100 105 110

acg ctc atc cgt ata tgg ggt gat gct ttg ttt gat atc gtt gac aaa 384
Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
115 120 125

gat caa aat gga gcc att aca ctg gat gaa tgg aaa gca tac acc aaa 432
Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
130 135 140

gct gct ggt atc atc caa tca tca gaa gat tgc gag gaa aca ttc aga 480
 Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160

gtg tgc gat att gat gaa agt gga caa ctc gat gtt gat gag atg aca 528
 Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175

aga cga cat tta gga ttt tgg tac acc atg gat cct gct tgc gaa aag 576
 Arg Arg His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190

ctc tac ggt gga gct gtc ccc taa 600
 Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 10

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<400> 10

Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15

Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Arg His Met Phe Asn Phe
 20 25 30

Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
 35 40 45

Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60

Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80

Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95

Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110

Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
 115 120 125

Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140

Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160

Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175

Arg Arg His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190

Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 11

<211> 600

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(600)

<223>

<400> 11

atg ctt tat gat gtt cct gat tat gct agc ctc aaa ctt aca tca gac 48
 Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15

ttc gac aac cca aga tgg att gga cga cac agg cat atg ttc aat ttc 96
 Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Arg His Met Phe Asn Phe
 20 25 30

ctt gat gtc aac cac aat gga aaa atc tct ctt gac gag atg gtc tac 144
 Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
 35 40 45

aag gca tct gat att gtc atc aat aac ctt gga gca aca cct gag caa 192
 Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60

gcc aaa cga cac aaa gat gct gta gaa gcc ttc ttc gga gga gct gga 240
 Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80

atg aaa tat ggt gtg gaa act gat tgg cct gca tat att gaa gga tgg 288
 Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95

aaa aaa ttg gct act gat gaa ttg gag aaa tac gcc aaa aac gaa cca 336
 Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110

acg ctc atc cgt ata tgg ggt gat gct ttg ttt gat atc gtt gac aaa 384
 Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
 115 120 125

gat caa aat gga gcc att aca ctg gat gaa tgg aaa gca tac acc aaa 432
 Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140

gct gct ggt atc atc caa tca tca gaa gat tgc gag gaa aca ttc aga 480
 Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160

gtg tgc gat att gat gaa agt gga caa ctc gat gtt gat gag atg aca 528
 Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175

aga caa cat ata gga ttt tgg tac acc atg gat cct gct tgc gaa aag 576
 Arg Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190

ctc tac ggt gga gct gtc ccc taa 600
 Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 12

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<400> 12

Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15

Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Arg His Met Phe Asn Phe
 20 25 30

Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
 35 40 45

Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60

Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80

Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95

Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110

Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
 115 120 125

Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140

Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160

Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175

Arg Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190

Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 13

<211> 600

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(600)

<223>

<400> 13

atg ctt tat gat gtt cct gat tat gct agc ctc aaa ctt aca tca gac 48
 Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15

ttc gac aac cca aga tgg att gga cga cac aag cat atg ttc aat ttc 96
 Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Lys His Met Phe Asn Phe
 20 25 30

ctt gat gtc aac cac aat gga aaa atc tct ctt gac gag atg gtc tac 144
 Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
 35 40 45

aag gca tct gat att gtc atc aat aac ctt gga gca aca cct gag caa 192
 Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60

gcc aaa cga cac aaa gat gct gta gaa gcc ttc ttc gga gga gct gga 240
 Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80

atg aaa tat ggt gtg gaa act gat tgg cct gca tat att gaa gga tgg 288
 Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95

aaa aaa ttg gct act gat gaa ttg gag aaa tac gcc aaa aac gaa cca 336
 Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110

acg ctc atc cgt ata tgg ggt gat gct ttg ttt gat atc gtt gac aaa 384
 Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
 115 120 125

gat caa aat gga gcc att aca ctg gat gaa tgg aaa gca tac acc aaa 432
 Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140

gct gct ggt atc atc caa tca tca gaa gat tgc gag gaa aca ttc aga 480
 Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160

gtg tgc gat att gat gaa agt gga caa ctc gat gtt gat gag atg aca 528
 Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175

aga cga cat ata gga ttt tgg tac acc atg gat cct gct tgc gaa aag 576
 Arg Arg His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190

ctc tac ggt gga gct gtc ccc taa 600
 Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 14

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<400> 14

Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15

Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Lys His Met Phe Asn Phe
 20 25 30

Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
 35 40 45

Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60

Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80

Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95

Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110

Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
 115 120 125

Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140

Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160

Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175

Arg Arg His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190

Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 15

<211> 600

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(600)

<223>

<400> 15

atg ctt tat gat gtt cct gat tat gct agc ctc aaa ctt aca tca gac 48
 Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15

ttc gac aac cca aga tgg att gga cga cac agg cat atg ttc aat ttc 96
 Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Arg His Met Phe Asn Phe
 20 25 30

ctt gat gtc aac cac aat gga aaa atc tct ctt gac gag atg gtc tac 144
 Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
 35 40 45

aag gca tct gat att gtc atc aat aac ctt gga gca aca cct gag caa 192
 Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60

gcc aaa cga cac aaa gat gct gta gaa gcc ttc ttc gga gga gct gga 240
 Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80

atg aaa tat ggt gtg gaa act gat tgg cct gca tat att gaa gga tgg 288
 Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95

aaa aaa ttg gct act gat gaa ttg gag aaa tac gcc aaa aac gaa cca 336
 Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110

acg ctc atc cgt ata tgg ggt gat gct ttg ttt gat atc gtt gac aaa 384
 Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
 115 120 125

gat caa aat gga gcc att aca ctg gat gaa tgg aaa gca tac acc aaa 432
 Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140

gct gct ggt atc atc caa tca tca gaa gat tgc gag gaa aca ttc aga 480
 Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160

gtg tgc gat att gat gaa agt gga caa ctc gat gtt gat gag atg aca 528
 Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175

aga cga cat ata gga ttt tgg tac acc atg gat cct gct tgc gaa aag 576
 Arg Arg His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190

ctc tac ggt gga gct gtc ccc taa 600
 Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 16

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<400> 16

Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15

Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Arg His Met Phe Asn Phe
 20 25 30

Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
 35 40 45

Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60

Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80

Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95

Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110

Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
 115 120 125

Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140

Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160

Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175

Arg Arg His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190

Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 17

<211> 597

<212> DNA

<213> *Clytia gregaria*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 17

atg gct gac act gca tca aaa tac gcc gtc aaa ctc aga ccc aac ttc 48
 Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

gac aac cca aaa tgg gtc aac aga cac aaa ttt atg ttc aac ttt ttg 96
 Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

gac att aac ggc gac gga aaa atc act ttg gat gaa atc gtc tcc aaa 144
 Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

gct tcg gat gac att tgc gcc aaa ctt gga gca aca cca gaa cag acc 192
 Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

aaa cgt cac cag gat gct gtc gaa gct ttc ttc aaa aag att ggt atg 240
 Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

gat tat ggt aaa gaa gtc gaa ttc cca gct ttt gtt gat gga tgg aaa 288
 Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

gaa ctg gcc aat tat gac ttg aaa ctt tgg tct caa aac aag aaa tct 336
 Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

ttg atc cgc gac tgg gga gaa gct gtt ttc gac att ttt gac aaa gac 384
 Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

gga agt ggc tca atc agt ttg gac gaa tgg aag gct tat gga cga atc 432
 Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

tct gga atc tgc tca tca gac gaa gac gcc gaa aag acc ttc aaa cat 480
 Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

tgc gat ttg gac aac agt ggc aaa ctt gat gtt gat gag atg acc aga 528
 Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

caa cat ttg gga ttc tgg tac acc ttg gac ccc aac gct gat ggt ctt 576
 Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

tac ggc aat ttt gtt cct taa 597
 Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 18

<211> 198

<212> PRT

<213> Clytia gregaria

<400> 18

Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 19

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 19

atg gct gac act gca tca aaa tac gcc gtc aaa ctc aga ccc aac ttc 48
 Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

gac aac cca aaa tgg gtc aac aga cac aga ttt atg ttc aac ttt ttg 96
 Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Arg Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

gac att aac ggc gac gga aaa atc act ttg gat gaa atc gtc tcc aaa 144
 Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

gct tcg gat gac att tgc gcc aaa ctt gga gca aca cca gaa cag acc 192
 Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

aaa cgt cac cag gat gct gtc gaa gct ttc ttc aaa aag att ggt atg 240
 Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

gat tat ggt aaa gaa gtc gaa ttc cca gct ttt gtt gat gga tgg aaa 288
 Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

gaa ctg gcc aat tat gac ttg aaa ctt tgg tct caa aac aag aaa tct 336
 Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

ttg atc cgc gac tgg gga gaa gct gtt ttc gac att ttt gac aaa gac 384
 Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

gga agt ggc tca atc agt ttg gac gaa tgg aag gct tat gga cga atc 432
 Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

tct gga atc tgc tca tca gac gaa gac gcc gaa aag acc ttc aaa cat 480
 Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

tgc gat ttg gac aac agt ggc aaa ctt gat gtt gat gag atg acc aga 528
 Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

caa cat ttg gga ttc tgg tac acc ttg gac ccc aac gct gat ggt ctt 576
 Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

tac ggc aat ttt gtt cct taa 597
 Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 20

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<400> 20

Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Arg Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 21

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 21

atg gct gac act gca tca aaa tac gcc gtc aaa ctc aga ccc aac ttc 48
 Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

gac aac cca aaa tgg gtc aac aga cac aaa ttt atg ttc aac ttt ttg 96
 Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

gac att aac ggc gac gga aaa atc act ttg gat gaa atc gtc tcc aaa 144
 Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

gct tcg gat gac att tgc gcc aaa ctt gga gca aca cca gaa cag acc 192
 Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

aaa cgt cac cag gat gct gtc gaa gct ttc ttc aaa aag att ggt atg 240
 Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

gat tat ggt aaa gaa gtc gaa ttc cca gct ttt gtt gat gga tgg aaa 288
 Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

gaa ctg gcc aat tat gac ttg aaa ctt tgg tct caa aac aag aaa tct 336
 Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

ttg atc cgc gac tgg gga gaa gct gtt ttc gac att ttt gac aaa gac 384
 Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

gga agt ggc tca atc agt ttg gac gaa tgg aag gct tat gga cga atc 432
 Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

tct gga atc tgc tca tca gac gaa gac gcc gaa aag acc ttc aaa cat 480
 Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

tgc gat ttg gac aac agt ggc aaa ctt gat gtt gat gag atg acc aga 528
 Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

cga cat ttg gga ttc tgg tac acc ttg gac ccc aac gct gat ggt ctt 576
 Arg His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

tac ggc aat ttt gtt cct taa 597
 Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 22

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<400> 22

Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

Arg His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 23

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 23

atg gct gac act gca tca aaa tac gcc gtc aaa ctc aga ccc aac ttc 48
 Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

gac aac cca aaa tgg gtc aac aga cac aaa ttt atg ttc aac ttt ttg 96
 Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

gac att aac ggc gac gga aaa atc act ttg gat gaa atc gtc tcc aaa 144
 Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

gct tcg gat gac att tgc gcc aaa ctt gga gca aca cca gaa cag acc 192
 Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

aaa cgt cac cag gat gct gtc gaa gct ttc ttc aaa aag att ggt atg 240
 Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

gat tat ggt aaa gaa gtc gaa ttc cca gct ttt gtt gat gga tgg aaa 288
 Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

gaa ctg gcc aat tat gac ttg aaa ctt tgg tct caa aac aag aaa tct 336
 Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

ttg atc cgc gac tgg gga gaa gct gtt ttc gac att ttt gac aaa gac 384
 Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

gga agt ggc tca atc agt ttg gac gaa tgg aag gct tat gga cga atc 432
 Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

tct gga atc tgc tca tca gac gaa gac gcc gaa aag acc ttc aaa cat 480
 Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

tgc gat ttg gac aac agt ggc aaa ctt gat gtt gat gag atg acc aga 528
 Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

caa cat ata gga ttc tgg tac acc ttg gac ccc aac gct gat ggt ctt 576
 Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

tac ggc aat ttt gtt cct taa 597
 Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 24

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<400> 24

Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 25

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 25

atg gct gac act gca tca aaa tac gcc gtc aaa ctc aga ccc aac ttc 48
 Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

gac aac cca aaa tgg gtc aac aga cac aga ttt atg ttc aac ttt ttg 96
 Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Arg Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

gac att aac ggc gac gga aaa atc act ttg gat gaa atc gtc tcc aaa 144
 Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

gct tcg gat gac att tgc gcc aaa ctt gga gca aca cca gaa cag acc 192
 Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

aaa cgt cac cag gat gct gtc gaa gct ttc ttc aaa aag att ggt atg 240
 Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

gat tat ggt aaa gaa gtc gaa ttc cca gct ttt gtt gat gga tgg aaa 288
 Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

gaa ctg gcc aat tat gac ttg aaa ctt tgg tct caa aac aag aaa tct 336
 Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

ttg atc cgc gac tgg gga gaa gct gtt ttc gac att ttt gac aaa gac 384
 Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

gga agt ggc tca atc agt ttg gac gaa tgg aag gct tat gga cga atc 432
 Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

tct gga atc tgc tca tca gac gaa gac gcc gaa aag acc ttc aaa cat 480
 Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

tgc gat ttg gac aac agt ggc aaa ctt gat gtt gat gag atg acc aga 528
 Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

cga cat ttg gga ttc tgg tac acc ttg gac ccc aac gct gat ggt ctt 576
 Arg His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

tac ggc aat ttt gtt cct taa 597
 Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 26

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<400> 26

Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Arg Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

Arg His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 27

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 27

atg gct gac act gca tca aaa tac gcc gtc aaa ctc aga ccc aac ttc 48
 Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

gac aac cca aaa tgg gtc aac aga cac aga ttt atg ttc aac ttt ttg 96
 Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Arg Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

gac att aac ggc gac gga aaa atc act ttg gat gaa atc gtc tcc aaa 144
 Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

gct tcg gat gac att tgc gcc aaa ctt gga gca aca cca gaa cag acc 192
 Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

aaa cgt cac cag gat gct gtc gaa gct ttc ttc aaa aag att ggt atg 240
 Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

gat tat ggt aaa gaa gtc gaa ttc cca gct ttt gtt gat gga tgg aaa 288
 Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

gaa ctg gcc aat tat gac ttg aaa ctt tgg tct caa aac aag aaa tct 336
 Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

ttg atc cgc gac tgg gga gaa gct gtt ttc gac att ttt gac aaa gac 384
 Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

gga agt ggc tca atc agt ttg gac gaa tgg aag gct tat gga cga atc 432
 Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

tct gga atc tgc tca tca gac gaa gac gcc gaa aag acc ttc aaa cat 480
 Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

tgc gat ttg gac aac agt ggc aaa ctt gat gtt gat gag atg acc aga 528
 Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

caa cat ata gga ttc tgg tac acc ttg gac ccc aac gct gat ggt ctt 576
 Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

tac ggc aat ttt gtt cct taa 597
 Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 28

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<400> 28

Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Arg Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 29

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 29

atg gct gac act gca tca aaa tac gcc gtc aaa ctc aga ccc aac ttc 48
 Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

gac aac cca aaa tgg gtc aac aga cac aaa ttt atg ttc aac ttt ttg 96
 Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

gac att aac ggc gac gga aaa atc act ttg gat gaa atc gtc tcc aaa 144
 Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

gct tcg gat gac att tgc gcc aaa ctt gga gca aca cca gaa cag acc 192
 Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

aaa cgt cac cag gat gct gtc gaa gct ttc ttc aaa aag att ggt atg 240
 Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

gat tat ggt aaa gaa gtc gaa ttc cca gct ttt gtt gat gga tgg aaa 288
 Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

gaa ctg gcc aat tat gac ttg aaa ctt tgg tct caa aac aag aaa tct 336
 Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

ttg atc cgc gac tgg gga gaa gct gtt ttc gac att ttt gac aaa gac 384
 Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

gga agt ggc tca atc agt ttg gac gaa tgg aag gct tat gga cga atc 432
 Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

tcg gat ttg gac aac agt ggc aaa ctt gat gtt gat gag atg acc aga	528
Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg	
165	170
	175

cga cat ata gga ttc tgg tac acc ttg gac ccc aac gct gat ggt ctt 576
Arg His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
180 185 190

tac ggc aat ttt gtt cct taa 597
Tyr Gly Asn Phe Val Pro
195

<210> 30

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<400> 30

Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
1 5 10 15

Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
20 25 30

Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
35 40 45

Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
50 55 60

Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
65 70 75 80

Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
85 90 95

Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
100 105 110

Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
115 120 125

Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
130 135 140

Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
145 150 155 160

Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
165 170 175

Arg His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 31

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 31

atg gct gac act gca tca aaa tac gcc gtc aaa ctc aga ccc aac ttc 48
 Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

gac aac cca aaa tgg gtc aac aga cac aga ttt atg ttc aac ttt ttg 96
 Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Arg Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

gac att aac ggc gac gga aaa atc act ttg gat gaa atc gtc tcc aaa 144
 Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

gct tcg gat gac att tgc gcc aaa ctt gga gca aca cca gaa cag acc 192
 Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

aaa cgt cac cag gat gct gtc gaa gct ttc ttc aaa aag att ggt atg 240
 Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

gat tat ggt aaa gaa gtc gaa ttc cca gct ttt gtt gat gga tgg aaa 288
 Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

gaa ctg gcc aat tat gac ttg aaa ctt tgg tct caa aac aag aaa tct 336
 Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

ttg atc cgc gac tgg gga gaa gct gtt ttc gac att ttt gac aaa gac 384
 Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

gga agt ggc tca atc agt ttg gac gaa tgg aag gct tat gga cga atc 432
 Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

tct gga atc tgc tca tca gac gaa gac gcc gaa aag acc ttc aaa cat 480
 Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

tgc gat ttg gac aac agt ggc aaa ctt gat gtt gat gag atg acc aga 528
 Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

cga cat ata gga ttc tgg tac acc ttg gac ccc aac gct gat ggt ctt 576
 Arg His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

tac ggc aat ttt gtt cct taa 597
 Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 32

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<400> 32

Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Arg Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

Arg His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 33

<211> 597

<212> DNA

<213> Mitrocoma cellularia

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 33

atg tca atg ggc agc aga tac gca gtc aag ctt acg act gac ttt gat 48
 Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15

aat cca aaa tgg att gct cga cac aag cac atg ttc aac ttc ctt gac 96
 Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Lys His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30

atc aat tca aat ggc caa atc aat ctg aat gaa atg gtc cat aag gct 144
 Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45

tca aac att atc tgc aag aag ctt gga gca aca gaa gaa caa acc aaa 192
 Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60

cgt cat caa aag tgt gtc gaa gac ttc ttt ggg gga gct ggt ttg gaa 240
 Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80

tat gac aaa gat acc aca tgg cct gag tac atc gaa gga tgg aag agg 288
 Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95

ttg gct aag act gaa ttg gaa agg cat tca aag aat caa gtc aca ttg 336
 Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110

atc cga tta tgg ggt gat gct ttg ttc gac atc att gac aaa gat aga 384
 Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125

aat gga tcg gtt tcg tta gac gaa tgg atc cag tac act cat tgt gct 432
 Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140

ggc atc caa cag tca cgt ggg caa tgc gaa gct aca ttt gca cat tgc 480
 Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160

gat tta gat ggt gac ggt aaa ctt gat gtg gac gaa atg aca aga caa 528
 Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln
 165 170 175

cat ttg gga ttt tgg tat tcg gtc gac cca act tgt gaa gga ctc tac 576
 His Leu Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190

ggg ggt gct gta cct tat taa 597
 Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 34

<211> 198

<212> PRT

<213> Mitrocoma cellularia

<400> 34

Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15

Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Lys His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30

Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45

Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60

Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80

Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95

Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110

Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125

Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140

Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160

Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln
 165 170 175

His Leu Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190

Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 35

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 35

atg tca atg ggc agc aga tac gca gtc aag ctt acg act gac ttt gat 48
 Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15

aat cca aaa tgg att gct cga cac agg cac atg ttc aac ttc ctt gac 96
 Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Arg His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30

atc aat tca aat ggc caa atc aat ctg aat gaa atg gtc cat aag gct 144
 Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45

tca aac att atc tgc aag aag ctt gga gca aca gaa gaa caa acc aaa 192
 Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60

cgt cat caa aag tgt gtc gaa gac ttc ttt ggg gga gct ggt ttg gaa 240
 Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80

tat gac aaa gat acc aca tgg cct gag tac atc gaa gga tgg aag agg 288
 Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95

ttg gct aag act gaa ttg gaa agg cat tca aag aat caa gtc aca ttg 336
 Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110

atc cga tta tgg ggt gat gct ttg ttc gac atc att gac aaa gat aga 384
 Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125

aat gga tcg gtt tcg tta gac gaa tgg atc cag tac act cat tgt gct 432
 Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140

36

ggc atc caa cag tca cgt ggg caa tgc gaa gct aca ttt gca cat tgc 480
 Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160
 gat tta gat ggt gac ggt aaa ctt gat gtg gac gaa atg aca aga caa 528
 Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln
 165 170 175
 cat ttg gga ttt tgg tat tcg gtc gac cca act tgt gaa gga ctc tac 576
 His Leu Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190
 ggt ggt gct gta cct tat taa 597
 Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 36

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<400> 36

Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15
 Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Arg His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30
 Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45
 Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60
 Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80
 Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95
 Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110
 Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125
 Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140
 Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160
 Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln
 165 170 175

His Leu Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190

Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 37

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 37

atg tca atg ggc agc aga tac gca gtc aag ctt acg act gac ttt gat	48
Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp	
1 5 10 15	
aat cca aaa tgg att gct cga cac aag cac atg ttc aac ttc ctt gac	96
Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Lys His Met Phe Asn Phe Leu Asp	
20 25 30	
atc aat tca aat ggc caa atc aat ctg aat gaa atg gtc cat aag gct	144
Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala	
35 40 45	
tca aac att atc tgc aag aag ctt gga gca aca gaa gaa caa acc aaa	192
Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys	
50 55 60	
cgt cat caa aag tgt gtc gaa gac ttc ttt ggg gga gct ggt ttg gaa	240
Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu	
65 70 75 80	
tat gac aaa gat acc aca tgg cct gag tac atc gaa gga tgg aag agg	288
Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg	
85 90 95	
ttg gct aag act gaa ttg gaa agg cat tca aag aat caa gtc aca ttg	336
Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu	
100 105 110	
atc cga tta tgg ggt gat gct ttg ttc gac atc att gac aaa gat aga	384
Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg	
115 120 125	
aat gga tcg gtt tcg tta gac gaa tgg atc cag tac act cat tgt gct	432
Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala	
130 135 140	

ggc atc caa cag tca cgt ggg caa tgc gaa gct aca ttt gca cat tgc 480
 Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160

gat tta gat ggt gac ggt aaa ctt gat gtg gac gaa atg aca aga cga 528
 Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Arg
 165 170 175

cat ttg gga ttt tgg tat tcg gtc gac cca act tgt gaa gga ctc tac 576
 His Leu Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190

ggg ggt gct gta cct tat taa 597
 Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 38

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<400> 38

Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15

Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Lys His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30

Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45

Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60

Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80

Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95

Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110

Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125

Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140

Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160

Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Arg
 165 170 175

His Leu Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190

Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 39

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 39

atg tca atg ggc agc aga tac gca gtc aag ctt acg act gac ttt gat 48
 Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15

aat cca aaa tgg att gct cga cac aag cac atg ttc aac ttc ctt gac 96
 Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Lys His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30

atc aat tca aat ggc caa atc aat ctg aat gaa atg gtc cat aag gct 144
 Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45

tca aac att atc tgc aag aag ctt gga gca aca gaa gaa caa acc aaa 192
 Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60

cgt cat caa aag tgt gtc gaa gac ttc ttt ggg gga gct ggt ttg gaa 240
 Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80

tat gac aaa gat acc aca tgg cct gag tac atc gaa gga tgg aag agg 288
 Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95

ttg gct aag act gaa ttg gaa agg cat tca aag aat caa gtc aca ttg 336
 Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110

atc cga tta tgg ggt gat gct ttg ttc gac atc att gac aaa gat aga 384
 Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125

aat gga tcg gtt tcg tta gac gaa tgg atc cag tac act cat tgt gct 432
 Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140

ggc atc caa cag tca cgt ggg caa tgc gaa gct aca ttt gca cat tgc 480
 Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160
 gat tta gat ggt gac ggt aaa ctt gat gtg gac gaa atg aca aga caa 528
 Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln
 165 170 175
 cat ata gga ttt tgg tat tcg gtc gac cca act tgt gaa gga ctc tac 576
 His Ile Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190
 ggt ggt gct gta cct tat taa 597
 Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 40

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<400> 40

Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15
 Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Lys His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30
 Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45
 Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60
 Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80
 Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95
 Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110
 Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125
 Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140
 Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160
 Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln
 165 170 175

His Ile Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190

Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 41

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 41

atg tca atg ggc agc aga tac gca gtc aag ctt acg act gac ttt gat 48
 Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15

aat cca aaa tgg att gct cga cac agg cac atg ttc aac ttc ctt gac 96
 Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Arg His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30

atc aat tca aat ggc caa atc aat ctg aat gaa atg gtc cat aag gct 144
 Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45

tca aac att atc tgc aag aag ctt gga gca aca gaa gaa caa acc aaa 192
 Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60

cgt cat caa aag tgt gtc gaa gac ttc ttt ggg gga gct ggt ttg gaa 240
 Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80

tat gac aaa gat acc aca tgg cct gag tac atc gaa gga tgg aag agg 288
 Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95

ttg gct aag act gaa ttg gaa agg cat tca aag aat caa gtc aca ttg 336
 Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110

atc cga tta tgg ggt gat gct ttg ttc gac atc att gac aaa gat aga 384
 Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125

aat gga tcg gtt tcg tta gac gaa tgg atc cag tac act cat tgt gct 432
 Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140

ggc atc caa cag tca cgt ggg caa tgc gaa gct aca ttt gca cat tgc 480
 Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160

gat tta gat ggt gac ggt aaa ctt gat gtg gac gaa atg aca aga cga 528
 Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Arg
 165 170 175

cat ttg gga ttt tgg tat tcg gtc gac cca act tgt gaa gga ctc tac 576
 His Leu Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190

ggg ggt gct gta cct tat taa 597
 Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 42

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<400> 42

Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15

Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Arg His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30

Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45

Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60

Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80

Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95

Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110

Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125

Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140

Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160

Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Arg
 165 170 175

His Leu Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190

Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 43

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 43

atg tca atg ggc agc aga tac gca gtc aag ctt acg act gac ttt gat 48
 Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15

aat cca aaa tgg att gct cga cac agg cac atg ttc aac ttc ctt gac 96
 Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Arg His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30

atc aat tca aat ggc caa atc aat ctg aat gaa atg gtc cat aag gct 144
 Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45

tca aac att atc tgc aag aag ctt gga gca aca gaa gaa caa acc aaa 192
 Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60

cgt cat caa aag tgt gtc gaa gac ttc ttt ggg gga gct ggt ttg gaa 240
 Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80

tat gac aaa gat acc aca tgg cct gag tac atc gaa gga tgg aag agg 288
 Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95

ttg gct aag act gaa ttg gaa agg cat tca aag aat caa gtc aca ttg 336
 Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110

atc cga tta tgg ggt gat gct ttg ttc gac atc att gac aaa gat aga 384
 Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125

aat gga tcg gtt tcg tta gac gaa tgg atc cag tac act cat tgt gct 432
 Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140

```

ggc atc caa cag tca cgt ggg caa tgc gaa gct aca ttt gca cat tgc      480
Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
145                      150                      155                      160

gat tta gat ggt gac ggt aaa ctt gat gtg gac gaa atg aca aga caa      528
Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln
                      165                      170                      175

cat ata gga ttt tgg tat tcg gtc gac cca act tgt gaa gga ctc tac      576
His Ile Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
                      180                      185                      190

ggg ggt gct gta cct tat taa      597
Gly Gly Ala Val Pro Tyr
                      195

```

<210> 44

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<400> 44

```

Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
1                      5                      10                      15

Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Arg His Met Phe Asn Phe Leu Asp
20                      25                      30

Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
35                      40                      45

Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
50                      55                      60

Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
65                      70                      75                      80

Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
85                      90                      95

Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
100                      105                      110

Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
115                      120                      125

Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
130                      135                      140

Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
145                      150                      155                      160

Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln
165                      170                      175

```

His Ile Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190

Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 45

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 45

atg tca atg ggc agc aga tac gca gtc aag ctt acg act gac ttt gat 48
 Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15

aat cca aaa tgg att gct cga cac aag cac atg ttc aac ttc ctt gac 96
 Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Lys His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30

atc aat tca aat ggc caa atc aat ctg aat gaa atg gtc cat aag gct 144
 Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45

tca aac att atc tgc aag aag ctt gga gca aca gaa gaa caa acc aaa 192
 Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60

cgt cat caa aag tgt gtc gaa gac ttc ttt ggg gga gct ggt ttg gaa 240
 Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80

tat gac aaa gat acc aca tgg cct gag tac atc gaa gga tgg aag agg 288
 Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95

ttg gct aag act gaa ttg gaa agg cat tca aag aat caa gtc aca ttg 336
 Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110

atc cga tta tgg ggt gat gct ttg ttc gac atc att gac aaa gat aga 384
 Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125

aat gga tcg gtt tcg tta gac gaa tgg atc cag tac act cat tgt gct 432
 Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140

ggc atc caa cag tca cgt ggg caa tgc gaa gct aca ttt gca cat tgc 480
 Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160

gat tta gat ggt gac ggt aaa ctt gat gtg gac gaa atg aca aga cga 528
 Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Arg
 165 170 175

cat ata gga ttt tgg tat tcg gtc gac cca act tgt gaa gga ctc tac 576
 His Ile Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190

ggg ggt gct gta cct tat taa 597
 Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 46

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<400> 46

Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15

Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Lys His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30

Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45

Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60

Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80

Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95

Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110

Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125

Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140

Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160

Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Arg
 165 170 175

His Ile Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190

Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 47

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 47

atg tca atg ggc agc aga tac gca gtc aag ctt acg act gac ttt gat 48
 Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15

aat cca aaa tgg att gct cga cac agg cac atg ttc aac ttc ctt gac 96
 Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Arg His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30

atc aat tca aat ggc caa atc aat ctg aat gaa atg gtc cat aag gct 144
 Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45

tca aac att atc tgc aag aag ctt gga gca aca gaa gaa caa acc aaa 192
 Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60

cgt cat caa aag tgt gtc gaa gac ttc ttt ggg gga gct ggt ttg gaa 240
 Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80

tat gac aaa gat acc aca tgg cct gag tac atc gaa gga tgg aag agg 288
 Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95

ttg gct aag act gaa ttg gaa agg cat tca aag aat caa gtc aca ttg 336
 Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110

atc cga tta tgg ggt gat gct ttg ttc gac atc att gac aaa gat aga 384
 Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125

aat gga tcg gtt tcg tta gac gaa tgg atc cag tac act cat tgt gct 432
 Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140

ggc atc caa cag tca cgt ggg caa tgc gaa gct aca ttt gca cat tgc 480
 Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160
 gat tta gat ggt gac ggt aaa ctt gat gtg gac gaa atg aca aga cga 528
 Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Arg
 165 170 175
 cat ata gga ttt tgg tat tcg gtc gac cca act tgt gaa gga ctc tac 576
 His Ile Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190
 ggt ggt gct gta cct tat taa 597
 Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 48

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<400> 48

Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15
 Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Arg His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30
 Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45
 Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60
 Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80
 Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95
 Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110
 Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125
 Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140
 Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160
 Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Arg
 165 170 175

His Ile Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190

Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 49

<211> 588

<212> DNA

<213> *Obelia longissima*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(588)

<223>

<400> 49

atg tct tca aaa tac gca gtt aaa ctc aag act gac ttt gat aat cca 48
 Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

cga tgg atc aaa aga cac aag cac atg ttt gat ttc ctc gac atc aat 96
 Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

gga aat gga aaa atc acc ctc gat gaa att gtg tcc aag gca tct gat 144
 Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

gac ata tgt gcc aag ctc gaa gcc aca cca gaa caa aca aaa cgc cat 192
 Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

caa gtt tgt gtt gaa gct ttc ttt aga gga tgt gga atg gaa tat ggt 240
 Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

aaa gaa att gcc ttc cca caa ttc ctc gat gga tgg aaa caa ttg gcg 288
 Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

act tca gaa ctc aag aaa tgg gca aga aac gaa cct act ctc att cgt 336
 Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

gaa tgg gga gat gct gtc ttt gat att ttc gac aaa gat gga agt ggt 384
 Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

aca atc act ttg gac gaa tgg aaa gct tat gga aaa atc tct ggt atc 432
 Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

50

tct cca tca caa gaa gat tgt gaa gcg aca ttt cga cat tgc gat ttg 480
 Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu
 145 150 155 160

gac aac agt ggt gac ctt gat gtt gac gag atg aca aga caa cat ctt 528
 Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Leu
 165 170 175

gga ttc tgg tac act ttg gac cca gaa gct gat ggt ctc tat ggc aac 576
 Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

gga gtt ccc taa 588
 Gly Val Pro
 195

<210> 50

<211> 195

<212> PRT

<213> Obelia longissima

<400> 50

Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu
 145 150 155 160

Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Leu
 165 170 175

Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

Gly Val Pro
 195

<210> 51

<211> 588

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(588)

<223>

<400> 51

atg tct tca aaa tac gca gtt aaa ctc aag act gac ttt gat aat cca 48
 Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

cga tgg atc aaa aga cac agg cac atg ttt gat ttc ctc gac atc aat 96
 Arg Trp Ile Lys Arg His Arg His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

gga aat gga aaa atc acc ctc gat gaa att gtg tcc aag gca tct gat 144
 Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

gac ata tgt gcc aag ctc gaa gcc aca cca gaa caa aca aaa cgc cat 192
 Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

caa gtt tgt gtt gaa gct ttc ttt aga gga tgt gga atg gaa tat ggt 240
 Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

aaa gaa att gcc ttc cca caa ttc ctc gat gga tgg aaa caa ttg gcg 288
 Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

act tca gaa ctc aag aaa tgg gca aga aac gaa cct act ctc att cgt 336
 Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

gaa tgg gga gat gct gtc ttt gat att ttc gac aaa gat gga agt ggt 384
 Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

aca atc act ttg gac gaa tgg aaa gct tat gga aaa atc tct ggt atc 432
 Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

tct cca tca caa gaa gat tgt gaa gcg aca ttt cga cat tgc gat ttg	480
Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu	
145 150 155 160	
gac aac agt ggt gac ctt gat gtt gac gag atg aca aga caa cat ctt	528
Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Leu	
165 170 175	
gga ttc tgg tac act ttg gac cca gaa gct gat ggt ctc tat ggc aac	576
Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn	
180 185 190	
gga gtt ccc taa	588
Gly Val Pro	
195	

<210> 52

<211> 195

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<400> 52

Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro	
1 5 10 15	
Arg Trp Ile Lys Arg His Arg His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn	
20 25 30	
Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp	
35 40 45	
Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His	
50 55 60	
Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly	
65 70 75 80	
Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala	
85 90 95	
Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg	
100 105 110	
Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly	
115 120 125	
Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile	
130 135 140	
Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu	
145 150 155 160	
Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Leu	
165 170 175	

Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

Gly Val Pro
 195

<210> 53

<211> 588

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(588)

<223>

<400> 53

atg tct tca aaa tac gca gtt aaa ctc aag act gac ttt gat aat cca 48
 Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

cga tgg atc aaa aga cac aag cac atg ttt gat ttc ctc gac atc aat 96
 Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

gga aat gga aaa atc acc ctc gat gaa att gtg tcc aag gca tct gat 144
 Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

gac ata tgt gcc aag ctc gaa gcc aca cca gaa caa aca aaa cgc cat 192
 Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

caa gtt tgt gtt gaa gct ttc ttt aga gga tgt gga atg gaa tat ggt 240
 Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

aaa gaa att gcc ttc cca caa ttc ctc gat gga tgg aaa caa ttg gcg 288
 Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

act tca gaa ctc aag aaa tgg gca aga aac gaa cct act ctc att cgt 336
 Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

gaa tgg gga gat gct gtc ttt gat att ttc gac aaa gat gga agt ggt 384
 Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

aca atc act ttg gac gaa tgg aaa gct tat gga aaa atc tct ggt atc 432
 Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

tct cca tca caa gaa gat tgt gaa gcg aca ttt cga cat tgc gat ttg	480
Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu	
145 150 155 160	
gac aac agt ggt gac ctt gat gtt gac gag atg aca aga cga cat ctt	528
Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Arg His Leu	
165 170 175	
gga ttc tgg tac act ttg gac cca gaa gct gat ggt ctc tat ggc aac	576
Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn	
180 185 190	
gga gtt ccc taa	588
Gly Val Pro	
195	

<210> 54

<211> 195

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<400> 54

Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro	
1 5 10 15	
Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn	
20 25 30	
Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp	
35 40 45	
Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His	
50 55 60	
Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly	
65 70 75 80	
Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala	
85 90 95	
Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg	
100 105 110	
Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly	
115 120 125	
Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile	
130 135 140	
Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu	
145 150 155 160	
Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Arg His Leu	
165 170 175	

Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

Gly Val Pro
 195

<210> 55

<211> 588

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(588)

<223>

<400> 55

atg tct tca aaa tac gca gtt aaa ctc aag act gac ttt gat aat cca 48
 Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

cga tgg atc aaa aga cac aag cac atg ttt gat ttc ctc gac atc aat 96
 Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

gga aat gga aaa atc acc ctc gat gaa att gtg tcc aag gca tct gat 144
 Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

gac ata tgt gcc aag ctc gaa gcc aca cca gaa caa aca aaa cgc cat 192
 Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

caa gtt tgt gtt gaa gct ttc ttt aga gga tgt gga atg gaa tat ggt 240
 Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

aaa gaa att gcc ttc cca caa ttc ctc gat gga tgg aaa caa ttg gcg 288
 Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

act tca gaa ctc aag aaa tgg gca aga aac gaa cct act ctc att cgt 336
 Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

gaa tgg gga gat gct gtc ttt gat att ttc gac aaa gat gga agt ggt 384
 Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

aca atc act ttg gac gaa tgg aaa gct tat gga aaa atc tct ggt atc 432
 Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

tct cca tca caa gaa gat tgt gaa gcg aca ttt cga cat tgc gat ttg	480
Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu	
145 150 155 160	
gac aac agt ggt gac ctt gat gtt gac gag atg aca aga caa cat att	528
Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Ile	
165 170 175	
gga ttc tgg tac act ttg gac cca gaa gct gat ggt ctc tat ggc aac	576
Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn	
180 185 190	
gga gtt ccc taa	588
Gly Val Pro	
195	

<210> 56

<211> 195

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<400> 56

Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro	
1 5 10 15	
Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn	
20 25 30	
Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp	
35 40 45	
Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His	
50 55 60	
Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly	
65 70 75 80	
Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala	
85 90 95	
Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg	
100 105 110	
Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly	
115 120 125	
Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile	
130 135 140	
Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu	
145 150 155 160	
Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Ile	
165 170 175	

Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

Gly Val Pro
 195

<210> 57

<211> 588

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(588)

<223>

<400> 57

atg tct tca aaa tac gca gtt aaa ctc aag act gac ttt gat aat cca 48
 Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

cga tgg atc aaa aga cac agg cac atg ttt gat ttc ctc gac atc aat 96
 Arg Trp Ile Lys Arg His Arg His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

gga aat gga aaa atc acc ctc gat gaa att gtg tcc aag gca tct gat 144
 Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

gac ata tgt gcc aag ctc gaa gcc aca cca gaa caa aca aaa cgc cat 192
 Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

caa gtt tgt gtt gaa gct ttc ttt aga gga tgt gga atg gaa tat ggt 240
 Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

aaa gaa att gcc ttc cca caa ttc ctc gat gga tgg aaa caa ttg gcg 288
 Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

act tca gaa ctc aag aaa tgg gca aga aac gaa cct act ctc att cgt 336
 Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

gaa tgg gga gat gct gtc ttt gat att ttc gac aaa gat gga agt ggt 384
 Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

aca atc act ttg gac gaa tgg aaa gct tat gga aaa atc tct ggt atc 432
 Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

tct	cca	tca	caa	gaa	gat	tgt	gaa	gcg	aca	ttt	cga	cat	tgc	gat	ttg	480
Ser	Pro	Ser	Gln	Glu	Asp	Cys	Glu	Ala	Thr	Phe	Arg	His	Cys	Asp	Leu	
145					150					155					160	

gac	aac	agt	ggt	gac	ctt	gat	gtt	gac	gag	atg	aca	aga	cga	cat	ctt	528
Asp	Asn	Ser	Gly	Asp	Leu	Asp	Val	Asp	Glu	Met	Thr	Arg	Arg	His	Leu	
			165					170						175		

gga	ttc	tgg	tac	act	ttg	gac	cca	gaa	gct	gat	ggt	ctc	tat	ggc	aac	576
Gly	Phe	Trp	Tyr	Thr	Leu	Asp	Pro	Glu	Ala	Asp	Gly	Leu	Tyr	Gly	Asn	
			180					185					190			

gga	gtt	ccc	taa													588
Gly	Val	Pro														
		195														

<210> 58

<211> 195

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<400> 58

Met	Ser	Ser	Lys	Tyr	Ala	Val	Lys	Leu	Lys	Thr	Asp	Phe	Asp	Asn	Pro	
1				5					10					15		
Arg	Trp	Ile	Lys	Arg	His	Arg	His	Met	Phe	Asp	Phe	Leu	Asp	Ile	Asn	
			20					25					30			
Gly	Asn	Gly	Lys	Ile	Thr	Leu	Asp	Glu	Ile	Val	Ser	Lys	Ala	Ser	Asp	
			35				40					45				
Asp	Ile	Cys	Ala	Lys	Leu	Glu	Ala	Thr	Pro	Glu	Gln	Thr	Lys	Arg	His	
	50					55					60					
Gln	Val	Cys	Val	Glu	Ala	Phe	Phe	Arg	Gly	Cys	Gly	Met	Glu	Tyr	Gly	
65				70						75					80	
Lys	Glu	Ile	Ala	Phe	Pro	Gln	Phe	Leu	Asp	Gly	Trp	Lys	Gln	Leu	Ala	
			85						90					95		
Thr	Ser	Glu	Leu	Lys	Lys	Trp	Ala	Arg	Asn	Glu	Pro	Thr	Leu	Ile	Arg	
			100					105					110			
Glu	Trp	Gly	Asp	Ala	Val	Phe	Asp	Ile	Phe	Asp	Lys	Asp	Gly	Ser	Gly	
		115					120					125				
Thr	Ile	Thr	Leu	Asp	Glu	Trp	Lys	Ala	Tyr	Gly	Lys	Ile	Ser	Gly	Ile	
	130					135					140					
Ser	Pro	Ser	Gln	Glu	Asp	Cys	Glu	Ala	Thr	Phe	Arg	His	Cys	Asp	Leu	
145					150					155					160	
Asp	Asn	Ser	Gly	Asp	Leu	Asp	Val	Asp	Glu	Met	Thr	Arg	Arg	His	Leu	
				165					170					175		

Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

Gly Val Pro
 195

<210> 59

<211> 588

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(588)

<223>

<400> 59

atg tct tca aaa tac gca gtt aaa ctc aag act gac ttt gat aat cca 48
 Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

cga tgg atc aaa aga cac agg cac atg ttt gat ttc ctc gac atc aat 96
 Arg Trp Ile Lys Arg His Arg His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

gga aat gga aaa atc acc ctc gat gaa att gtg tcc aag gca tct gat 144
 Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

gac ata tgt gcc aag ctc gaa gcc aca cca gaa caa aca aaa cgc cat 192
 Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

caa gtt tgt gtt gaa gct ttc ttt aga gga tgt gga atg gaa tat ggt 240
 Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

aaa gaa att gcc ttc cca caa ttc ctc gat gga tgg aaa caa ttg gcg 288
 Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

act tca gaa ctc aag aaa tgg gca aga aac gaa cct act ctc att cgt 336
 Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

gaa tgg gga gat gct gtc ttt gat att ttc gac aaa gat gga agt ggt 384
 Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

aca atc act ttg gac gaa tgg aaa gct tat gga aaa atc tct ggt atc 432
 Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

tct cca tca caa gaa gat tgt gaa gcg aca ttt cga cat tgc gat ttg 480
 Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu
 145 150 155 160

gac aac agt ggt gac ctt gat gtt gac gag atg aca aga caa cat att 528
 Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Ile
 165 170 175

gga ttc tgg tac act ttg gac cca gaa gct gat ggt ctc tat ggc aac 576
 Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

gga gtt ccc taa 588
 Gly Val Pro
 195

<210> 60

<211> 195

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<400> 60

Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

Arg Trp Ile Lys Arg His Arg His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu
 145 150 155 160

Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Ile
 165 170 175

Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

Gly Val Pro
 195

<210> 61

<211> 588

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(588)

<223>

<400> 61

atg tct tca aaa tac gca gtt aaa ctc aag act gac ttt gat aat cca 48
 Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

cga tgg atc aaa aga cac aag cac atg ttt gat ttc ctc gac atc aat 96
 Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

gga aat gga aaa atc acc ctc gat gaa att gtg tcc aag gca tct gat 144
 Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

gac ata tgt gcc aag ctc gaa gcc aca cca gaa caa aca aaa cgc cat 192
 Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

caa gtt tgt gtt gaa gct ttc ttt aga gga tgt gga atg gaa tat ggt 240
 Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

aaa gaa att gcc ttc cca caa ttc ctc gat gga tgg aaa caa ttg gcg 288
 Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

act tca gaa ctc aag aaa tgg gca aga aac gaa cct act ctc att cgt 336
 Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

gaa tgg gga gat gct gtc ttt gat att ttc gac aaa gat gga agt ggt 384
 Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

aca atc act ttg gac gaa tgg aaa gct tat gga aaa atc tct ggt atc 432
 Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

tct cca tca caa gaa gat tgt gaa gcg aca ttt cga cat tgc gat ttg	480
Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu	
145 150 155 160	
gac aac agt ggt gac ctt gat gtt gac gag atg aca aga cga cat att	528
Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Arg His Ile	
165 170 175	
gga ttc tgg tac act ttg gac cca gaa gct gat ggt ctc tat ggc aac	576
Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn	
180 185 190	
gga gtt ccc taa	588
Gly Val Pro	
195	

<210> 62

<211> 195

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<400> 62

Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro	
1 5 10 15	
Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn	
20 25 30	
Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp	
35 40 45	
Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His	
50 55 60	
Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly	
65 70 75 80	
Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala	
85 90 95	
Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg	
100 105 110	
Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly	
115 120 125	
Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile	
130 135 140	
Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu	
145 150 155 160	
Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Arg His Ile	
165 170 175	

Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

Gly Val Pro
 195

<210> 63

<211> 588

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(588)

<223>

<400> 63

atg tct tca aaa tac gca gtt aaa ctc aag act gac ttt gat aat cca 48
 Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

cga tgg atc aaa aga cac agg cac atg ttt gat ttc ctc gac atc aat 96
 Arg Trp Ile Lys Arg His Arg His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

gga aat gga aaa atc acc ctc gat gaa att gtg tcc aag gca tct gat 144
 Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

gac ata tgt gcc aag ctc gaa gcc aca cca gaa caa aca aaa cgc cat 192
 Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

caa gtt tgt gtt gaa gct ttc ttt aga gga tgt gga atg gaa tat ggt 240
 Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

aaa gaa att gcc ttc cca caa ttc ctc gat gga tgg aaa caa ttg gcg 288
 Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

act tca gaa ctc aag aaa tgg gca aga aac gaa cct act ctc att cgt 336
 Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

gaa tgg gga gat gct gtc ttt gat att ttc gac aaa gat gga agt ggt 384
 Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

aca atc act ttg gac gaa tgg aaa gct tat gga aaa atc tct ggt atc 432
 Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

tct cca tca caa gaa gat tgt gaa gcg aca ttt cga cat tgc gat ttg 480
 Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu
 145 150 155 160

gac aac agt ggt gac ctt gat gtt gac gag atg aca aga cga cat att 528
 Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Arg His Ile
 165 170 175

gga ttc tgg tac act ttg gac cca gaa gct gat ggt ctc tat ggc aac 576
 Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

gga gtt ccc taa 588
 Gly Val Pro
 195

<210> 64

<211> 195

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<400> 64

Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

Arg Trp Ile Lys Arg His Arg His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu
 145 150 155 160

Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Arg His Ile
 165 170 175

Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

Gly Val Pro
 195

<210> 65

<211> 600

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (597)

<223>

<400> 65

atg ctt tat gat gtt cct gat tat gct agc ctc aaa ctt aca tca gac 48
 Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15

ttc gac aac cca aga tgg att gga cga cac agg cat atg ttc aat ttc 96
 Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Arg His Met Phe Asn Phe
 20 25 30

ctt gat gtc aac cac aat gga aaa atc tct ctt gac ggg atg gtc tac 144
 Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Gly Met Val Tyr
 35 40 45

aag gca tct gat att gtc atc aat aac ctt gga gca aca cct gag caa 192
 Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60

gcc aaa cga cac aaa gat gct gta gaa gcc ttc ttc gga gga gct gga 240
 Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80

atg aaa tat ggt gtg gaa act gat tgg cct gca tat att gaa gga tgg 288
 Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95

aaa aaa ttg gct act gat gaa ttg gag aaa tac gcc aaa aac gaa cca 336
 Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110

acg ctc atc cgt ata tgg ggt gat gct ttg ttt gat atc gtt gac aaa 384
 Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
 115 120 125

gat caa aat gga gcc att aca ctg gat gaa tgg aaa gca tac acc aaa 432
 Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140

gct gct ggt atc atc caa tca tca gaa gat tgc gag gaa aca ttc aga 480
 Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160

gtg tgc gat att gat gaa agt gga caa ctc gat gtt gat gag atg aca 528
 Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175

aga caa cat tta gga ttt tgg tac acc atg gat cct gct tgc gaa aag 576
 Arg Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190

ctc tac ggt gga gct gtc ccc taa 600
 Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 66

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<400> 66

Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15

Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Arg His Met Phe Asn Phe
 20 25 30

Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Gly Met Val Tyr
 35 40 45

Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60

Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80

Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95

Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110

Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
 115 120 125

Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140

Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160

Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175

Arg Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
180 185 190

Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
195

<210> 67

<211> 600

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (1) .. (597)

<223>

<400> 67

atg ctt tat gat gtt cct gat tat gct agc ctc aaa ctt aca tca gac 48
Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
1 5 10 15

ttc gac aac cca aga tgg att gga cga cac aag cat atg ttc aat ttc 96
Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Lys His Met Phe Asn Phe
20 25 30

```

ctt gat gtc aac cac aat gga aaa atc tct ctt gac gag atg gtc tac      144
Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
      35                      40                      45

```

aag gca tct gat att gcc atc aat aac ctt gga gca aca cct gag caa 192
Lys Ala Ser Asp Ile Ala Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
50 55 60

gcc aaa cga cac aaa gat gct gta gaa gcc ttc ttc gga gga gct gga 240
Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
65 70 75 80

atg aaa tat ggt gtg gaa act gat tgg cct gca tat att gaa gga tgg 288
Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
85 90 95

aaa aaa ttg gct act gat gaa ttg gag aaa tac gcc aaa aac gaa cca 336
Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
100 105 110

acg ctc atc cgt ata tgg ggt gat gct ttg ttt gat atc gtt gac aaa 384
Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
115 120 125

gat caa aat gga gcc att aca ctg gat gaa tgg aaa gca tac acc aaa 432
Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
130 135 140

gct gct ggt atc atc caa tca tca gaa gat tgc gag gaa aca ttc aga	480
Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg	
145 150 155 160	
gtg tgc gat att gat gaa agt gga caa ctc gat gtt gat gag atg aca	528
Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr	
165 170 175	
aga cga cat tta gga ttt tgg tac acc atg gat cct gct tgc gaa aag	576
Arg Arg His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys	
180 185 190	
ctc tac ggt gga gct gtc ccc taa	600
Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro	
195	

<210> 68

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<400> 68

Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp	
1 5 10 15	
Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Lys His Met Phe Asn Phe	
20 25 30	
Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr	
35 40 45	
Lys Ala Ser Asp Ile Ala Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln	
50 55 60	
Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly	
65 70 75 80	
Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp	
85 90 95	
Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro	
100 105 110	
Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys	
115 120 125	
Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys	
130 135 140	
Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg	
145 150 155 160	
Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr	
165 170 175	

Arg Arg His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190

Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 69

<211> 600

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 69

atg ctt tat gat gtt cct gat tat gct agc ctc aaa ctt aca tca gac 48
 Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15

ttc gac aac cca aga tgg att gga cga cac aag cat atg ttc aat ttc 96
 Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Lys His Met Phe Asn Phe
 20 25 30

ctt gat gtc aac cac aat gga aaa atc tct ctt gac gag atg gtc tac 144
 Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
 35 40 45

aag gca tct gat att gtc atc aat aac ctt gga gca aca cct gag caa 192
 Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60

gcc aaa cga cac aaa gat gct gta gaa gcc ttc ttc gga gga gct gga 240
 Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80

atg aaa tat ggt gtg gaa act gat tgg cct gca tat att gaa gga tgg 288
 Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95

aaa aaa ttg gct act gat gaa ttg gag aaa tac gcc aaa aac gaa cca 336
 Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110

acg ctc atc cgt ata tgg ggt gat gct ttg ttt gat atc gtt ggc aaa 384
 Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Gly Lys
 115 120 125

gat caa aat gga gcc att aca ctg gat gaa tgg aaa gca tac acc aaa 432
 Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140

gct gct ggt atc atc caa tca tca gaa gat tgc gag gaa aca ttc aga 480
 Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160

gtg tgc gat att gat gaa agt gga caa ctc gat gtt gat gag atg aca 528
 Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175

aga caa cat ata gga ttt tgg tac acc atg gat cct gct tgc gaa aag 576
 Arg Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190

ctc tac ggt gga gct gtc ccc taa 600
 Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 70

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<400> 70

Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15

Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Lys His Met Phe Asn Phe
 20 25 30

Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
 35 40 45

Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60

Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80

Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95

Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110

Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Gly Lys
 115 120 125

Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140

Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160

Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175

Arg Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190

Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 71

<211> 600

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 71

atg ctt tat gat gtt cct gat tat gct agc ctc aaa ctt aca tca gac 48
 Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15

ttc gac aac cca aga tgg att gga cga cac aag cat atg ttc aat ttc 96
 Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Lys His Met Phe Asn Phe
 20 25 30

ctt gat gtc aac cac aat gga aaa atc tct ctt gac gag atg gtc tac 144
 Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
 35 40 45

aag gca tct gat att gtc atc aat aac ctt gga gca aca cct gag caa 192
 Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60

gcc aaa cga cac aaa gat gct gta gaa gcc ttc ttc gga gga gct gga 240
 Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80

atg aaa tat ggt gtg gaa act gat tgg cct gca tat att gaa gga tgg 288
 Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95

aaa aaa ttg gct act gat gaa ttg gag aaa tac gcc aaa aac gaa cca 336
 Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110

acg ctc atc cgt ata tgg ggt gat gct ttg ttt gat atc gtt gac aaa 384
 Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
 115 120 125

gat caa aat gga gcc att aca ctg gat gga tgg aaa gca tac acc aaa 432
 Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Gly Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140

gct gct ggt atc atc caa tca tca gaa gat tgc gag gaa aca ttc aga 480
 Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160

gtg tgc gat att gat gaa agt gga caa ctc gat gtt gat gag atg aca 528
 Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175

aga caa cat ata gga ttt tgg tac acc atg gat cct gct tgc gaa aag 576
 Arg Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190

ctc tac ggt gga gct gtc ccc taa 600
 Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 72

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<400> 72

Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15

Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Lys His Met Phe Asn Phe
 20 25 30

Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
 35 40 45

Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60

Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80

Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95

Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110

Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
 115 120 125

Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Gly Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140

Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
 145 150 155 160

Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175

Arg Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190

Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 73

<211> 600

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 73

atg ctt tat gat gtt cct gat tat gct agc ctc aaa ctt aca tca gac	48
Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp	
1 5 10 15	
ttc gac aac cca aga tgg att gga cga cac aag cat atg ttc aat ttc	96
Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Lys His Met Phe Asn Phe	
20 25 30	
ctt gat gtc aac cac aat gga aaa atc tct ctt gac gag atg gtc tac	144
Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr	
35 40 45	
aag gca tct gat att gtc atc aat aac ctt gga gca aca cct gag caa	192
Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln	
50 55 60	
gcc aaa cga cac aaa gat gct gta gaa gcc ttc ttc gga gga gct gga	240
Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly	
65 70 75 80	
atg aaa tat ggt gtg gaa act gat tgg cct gca tat att gaa gga tgg	288
Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp	
85 90 95	
aaa aaa ttg gct act gat gaa ttg gag aaa tac gcc aaa aac gaa cca	336
Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro	
100 105 110	
acg ctc atc cgt ata tgg ggt gat gct ttg ttt gat atc gtt gac aaa	384
Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys	
115 120 125	
gat caa aat gga gcc att aca ctg gat gaa tgg aaa gca tac acc aaa	432
Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys	
130 135 140	

gct gct ggt atc atc caa tca tca gaa gat tgc gag gaa aca tcc aga 480
 Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Ser Arg
 145 150 155 160

gtg tgc gat att gat gaa agt gga caa ctc gat gtt gat gag atg aca 528
 Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175

aga caa cat ata gga ttt tgg tac acc atg gat cct gct tgc gaa aag 576
 Arg Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190

ctc tac ggt gga gct gtc ccc taa 600
 Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 74

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<400> 74

Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15

Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Lys His Met Phe Asn Phe
 20 25 30

Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
 35 40 45

Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60

Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80

Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95

Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110

Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
 115 120 125

Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140

Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Ser Arg
 145 150 155 160

Val Cys Asp Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175

Arg Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190

Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 75

<211> 600

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223>

<400> 75

atg ctt tat gat gtt cct gat tat gct agc ctc aaa ctt aca tca gac 48
 Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15

ttc gac aac cca aga tgg att gga cga cac aag cat atg ttc aat ttc 96
 Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Lys His Met Phe Asn Phe
 20 25 30

ctt gat gtc aac cac aat gga aaa atc tct ctt gac gag atg gtc tac 144
 Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
 35 40 45

aag gca tct gat att gtc atc aat aac ctt gga gca aca cct gag caa 192
 Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60

gcc aaa cga cac aaa gat gct gta gaa gcc ttc ttc gga gga gct gga 240
 Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80

atg aaa tat ggt gtg gaa act gat tgg cct gca tat att gaa gga tgg 288
 Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95

aaa aaa ttg gct act gat gaa ttg gag aaa tac gcc aaa aac gaa cca 336
 Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110

acg ctc atc cgt ata tgg ggt gat gct ttg ttt gat atc gtt gac aaa 384
 Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
 115 120 125

gat caa aat gga gcc att aca ctg gat gaa tgg aaa gca tac acc aaa 432
 Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140

```

gct gct ggt atc atc caa tca tca gaa gat tgc gag gaa aca ttc aga      480
Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
145                      150                      155                      160

gtg tgc ggt att gat gaa agt gga caa ctc gat gtt gat gag atg aca      528
Val Cys Gly Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
                      165                      170                      175

aga caa cat ata gga ttt tgg tac acc atg gat cct gct tgc gaa aag      576
Arg Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
                      180                      185                      190

ctc tac ggt gga gct gtc ccc taa      600
Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
                      195

```

<210> 76

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<400> 76

```

Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
1      5      10
Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Lys His Met Phe Asn Phe
20      25      30
Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Glu Met Val Tyr
35      40      45
Lys Ala Ser Asp Ile Val Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
50      55      60
Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
65      70      75      80
Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
85      90      95
Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
100     105     110
Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Asp Lys
115     120     125
Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
130     135     140
Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Phe Arg
145     150     155     160
Val Cys Gly Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
165     170     175

```

Arg Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190

Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 77

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(594)

<223>

<400> 77

atg gct gac act gca tca aaa tac gcc gtc aaa ctc aga ccc aac ttc 48
 Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

gac aac cca aaa tgg gtc aac aga cac aaa ttt atg ttc aac ttt ttg 96
 Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

gac att aac ggc gac gga aaa atc act ttg gat gga atc gtc tcc aaa 144
 Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Gly Ile Val Ser Lys
 35 40 45

gct tcg gat gac att tgc gcc aaa ctt gga gca aca cca gaa cag acc 192
 Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

aaa cgt cac cag gat gct gtc gaa gct ttc ttc aaa aag att ggt atg 240
 Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

gat tat ggt aaa gaa gtc gaa ttc cca gct ttt gtt gat gga tgg aaa 288
 Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

gaa ctg gcc aat tat gac ttg aaa ctt tgg tct caa aac aag aaa tct 336
 Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

ttg atc cgc gac tgg gga gaa gct gtt ttc gac att ttt gac aaa gac 384
 Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

gga agt ggc tca atc agt ttg gac gaa tgg aag gct tat gga cga atc 432
 Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

tct gga atc tgc tca tca gac gaa gac gcc gaa aag acc ttc aaa cat 480
 Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

tgc gat ttg gac aac agt ggc aaa ctt gat gtt gat gag atg acc aga 528
 Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

caa cat ttg gga ttc tgg tac acc ttg gac ccc aac gct gat ggt ctt 576
 Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

tac ggc aat ttt gtt cct taa 597
 Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 78

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<400> 78

Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Gly Ile Val Ser Lys
 35 40 45

Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 79

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(594)

<223>

<400> 79

atg gct gac act gca tca aaa tac gcc gtc aaa ctc aga ccc aac ttc 48
 Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

gac aac cca aaa tgg gtc aac aga cac aaa ttt atg ttc aac ttt ttg 96
 Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

gac att aac ggc gac gga aaa atc act ttg gat gaa atc gtc tcc aaa 144
 Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

gct tcg gat gac att tgc gcc aaa ctt gga gca aca cca gaa cag acc 192
 Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

aaa cgt cac cag gat gct gtc gaa gct ttc ttc aaa aag att ggt atg 240
 Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

gat tat ggt aaa gaa gtc gaa ttc cca gct ttt gtt gat gga tgg aaa 288
 Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

gaa ctg gcc aat tat gac ttg aaa ctt tgg tct caa aac aag aaa tct 336
 Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

ttg atc cgc gac tgg gga gaa gct gtt ttc gac att ttt ggc aaa gac 384
 Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Gly Lys Asp
 115 120 125

gga agt ggc tca atc agt ttg gac gaa tgg aag gct tat gga cga atc 432
 Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

tct gga atc tgc tca tca gac gaa gac gcc gaa aag acc ttc aaa cat 480
 Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

tgc gat ttg gac aac agt ggc aaa ctt gat gtt gat gag atg acc aga 528
 Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

caa cat ttg gga ttc tgg tac acc ttg gac ccc aac gct gat ggt ctt 576
 Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

tac ggc aat ttt gtt cct taa 597
 Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 80

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<400> 80

Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Gly Lys Asp
 115 120 125

Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 81

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(594)

<223>

<400> 81

atg gct gac act gca tca aaa tac gcc gtc aaa ctc aga ccc aac ttc 48
 Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

gac aac cca aaa tgg gtc aac aga cac aaa ttt atg ttc aac ttt ttg 96
 Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

gac att aac ggc gac gga aaa atc act ttg gat gaa atc gtc tcc aaa 144
 Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

gct tcg gat gac att tgc gcc aaa ctt gga gca aca cca gaa cag acc 192
 Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

aaa cgt cac cag gat gct gtc gaa gct ttc ttc aaa aag att ggt atg 240
 Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

gat tat ggt aaa gaa gtc gaa ttc cca gct ttt gtt gat gga tgg aaa 288
 Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

gaa ctg gcc aat tat gac ttg aaa ctt tgg tct caa aac aag aaa tct 336
 Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

ttg atc cgc gac tgg gga gaa gct gtt ttc gac att ttt gac aaa gac 384
 Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

gga agt ggc tca atc agt ttg gac gga tgg aag gct tat gga cga atc 432
 Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Gly Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

tct gga atc tgc tca tca gac gaa gac gcc gaa aag acc ttc aaa cat 480
 Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

tgc gat ttg gac aac agt ggc aaa ctt gat gtt gat gag atg acc aga 528
 Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

caa cat ttg gga ttc tgg tac acc ttg gac ccc aac gct gat ggt ctt 576
 Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

tac ggc aat ttt gtt cct taa 597
 Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 82

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<400> 82

Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Gly Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 83

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(594)

<223>

<400> 83

atg gct gac act gca tca aaa tac gcc gtc aaa ctc aga ccc aac ttc 48
 Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

gac aac cca aaa tgg gtc aac aga cac aaa ttt atg ttc aac ttt ttg 96
 Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

gac att aac ggc gac gga aaa atc act ttg gat gaa atc gtc tcc aaa 144
 Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

gct tcg gat gac att tgc gcc aaa ctt gga gca aca cca gaa cag acc 192
 Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

aaa cgt cac cag gat gct gtc gaa gct ttc ttc aaa aag att ggt atg 240
 Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

gat tat ggt aaa gaa gtc gaa ttc cca gct ttt gtt gat gga tgg aaa 288
 Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

gaa ctg gcc aat tat gac ttg aaa ctt tgg tct caa aac aag aaa tct 336
 Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

ttg atc cgc gac tgg gga gaa gct gtt ttc gac att ttt gac aaa gac 384
 Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

gga agt ggc tca atc agt ttg gac gaa tgg aag gct tat gga cga atc 432
 Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

tct gga atc tgc tca tca gac gaa gac gcc gaa aag acc tcc aaa cat 480
 Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Ser Lys His
 145 150 155 160

tgc gat ttg gac aac agt ggc aaa ctt gat gtt gat gag atg acc aga 528
 Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

caa cat ttg gga ttc tgg tac acc ttg gac ccc aac gct gat ggt ctt 576
 Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

tac ggc aat ttt gtt cct taa 597
 Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 84

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<400> 84

Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Ser Lys His
 145 150 155 160

Cys Asp Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 85

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(594)

<223>

<400> 85

atg gct gac act gca tca aaa tac gcc gtc aaa ctc aga ccc aac ttc 48
 Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

gac aac cca aaa tgg gtc aac aga cac aaa ttt atg ttc aac ttt ttg 96
 Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

gac att aac ggc gac gga aaa atc act ttg gat gaa atc gtc tcc aaa 144
 Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

gct tcg gat gac att tgc gcc aaa ctt gga gca aca cca gaa cag acc 192
 Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

aaa cgt cac cag gat gct gtc gaa gct ttc ttc aaa aag att ggt atg 240
 Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

gat tat ggt aaa gaa gtc gaa ttc cca gct ttt gtt gat gga tgg aaa 288
 Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

gaa ctg gcc aat tat gac ttg aaa ctt tgg tct caa aac aag aaa tct 336
 Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

ttg atc cgc gac tgg gga gaa gct gtt ttc gac att ttt gac aaa gac 384
 Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

gga agt ggc tca atc agt ttg gac gaa tgg aag gct tat gga cga atc 432
 Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

tct gga atc tgc tca tca gac gaa gac gcc gaa aag acc ttc aaa cat 480
 Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

tgc ggt ttg gac aac agt ggc aaa ctt gat gtt gat gag atg acc aga 528
 Cys Gly Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

caa cat ttg gga ttc tgg tac acc ttg gac ccc aac gct gat ggt ctt 576
 Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

tac ggc aat ttt gtt cct taa 597
 Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 86

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<400> 86

Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15

Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30

Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys
 35 40 45

Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60

Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80

Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95

Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110

Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp
 115 120 125

Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140

Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Phe Lys His
 145 150 155 160

Cys Gly Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175

Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190

Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 87

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(594)

<223>

<400> 87

atg tca atg ggc agc aga tac gca gtc aag ctt acg act gac ttt gat 48
 Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15

aat cca aaa tgg att gct cga cac aag cac atg ttc aac ttc ctt gac 96
 Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Lys His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30

atc aat tca aat ggc caa atc aat ctg aat gga atg gtc cat aag gct 144
 Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Gly Met Val His Lys Ala
 35 40 45

tca aac att atc tgc aag aag ctt gga gca aca gaa gaa caa acc aaa 192
 Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60

cgt cat caa aag tgt gtc gaa gac ttc ttt ggg gga gct ggt ttg gaa 240
 Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80

tat gac aaa gat acc aca tgg cct gag tac atc gaa gga tgg aag agg 288
 Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95

ttg gct aag act gaa ttg gaa agg cat tca aag aat caa gtc aca ttg 336
 Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110

atc cga tta tgg ggt gat gct ttg ttc gac atc att gac aaa gat aga 384
 Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125

aat gga tcg gtt tcg tta gac gaa tgg atc cag tac act cat tgt gct 432
 Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140

```

ggc atc caa cag tca cgt ggg caa tgc gaa gct aca ttt gca cat tgc      480
Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
145                      150                      155                      160

gat tta gat ggt gac ggt aaa ctt gat gtg gac gaa atg aca aga caa      528
Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln
                      165                      170                      175

cat ttg gga ttt tgg tat tcg gtc gac cca act tgt gaa gga ctc tac      576
His Leu Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
                      180                      185                      190

ggg ggt gct gta cct tat taa      597
Gly Gly Ala Val Pro Tyr
                      195

```

<210> 88

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<400> 88

```

Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
1                      5                      10                      15

Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Lys His Met Phe Asn Phe Leu Asp
20                      25                      30

Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Gly Met Val His Lys Ala
35                      40                      45

Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
50                      55                      60

Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
65                      70                      75                      80

Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
85                      90                      95

Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
100                     105                     110

Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
115                     120                     125

Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
130                     135                     140

Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
145                     150                     155                     160

Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln
165                     170                     175

```

His Leu Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190

Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 89

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(594)

<223>

<400> 89

atg tca atg ggc agc aga tac gca gtc aag ctt acg act gac ttt gat 48
 Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15

aat cca aaa tgg att gct cga cac aag cac atg ttc aac ttc ctt gac 96
 Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Lys His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30

atc aat tca aat ggc caa atc aat ctg aat gaa atg gtc cat aag gct 144
 Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45

tca aac att atc tgc aag aag ctt gga gca aca gaa gaa caa acc aaa 192
 Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60

cgt cat caa aag tgt gtc gaa gac ttc ttt ggg gga gct ggt ttg gaa 240
 Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80

tat gac aaa gat acc aca tgg cct gag tac atc gaa gga tgg aag agg 288
 Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95

ttg gct aag act gaa ttg gaa agg cat tca aag aat caa gtc aca ttg 336
 Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110

atc cga tta tgg ggt gat gct ttg ttc gac atc att ggc aaa gat aga 384
 Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Gly Lys Asp Arg
 115 120 125

aat gga tcg gtt tcg tta gac gaa tgg atc cag tac act cat tgt gct 432
 Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140

ggc atc caa cag tca cgt ggg caa tgc gaa gct aca ttt gca cat tgc 480
 Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160
 gat tta gat ggt gac ggt aaa ctt gat gtg gac gaa atg aca aga caa 528
 Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln
 165 170 175
 cat ttg gga ttt tgg tat tcg gtc gac cca act tgt gaa gga ctc tac 576
 His Leu Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190
 ggt ggt gct gta cct tat taa 597
 Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 90

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<400> 90

Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15
 Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Lys His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30
 Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45
 Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60
 Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80
 Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95
 Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110
 Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Gly Lys Asp Arg
 115 120 125
 Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140
 Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160
 Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln
 165 170 175

His Leu Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190

Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 91

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (594)

<223>

<400> 91

atg tca atg ggc agc aga tac gca gtc aag ctt acg act gac ttt gat 48
 Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15

aat cca aaa tgg att gct cga cac aag cac atg ttc aac ttc ctt gac 96
 Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Lys His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30

atc aat tca aat ggc caa atc aat ctg aat gaa atg gtc cat aag gct 144
 Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45

tca aac att atc tgc aag aag ctt gga gca aca gaa gaa caa acc aaa 192
 Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60

cgt cat caa aag tgt gtc gaa gac ttc ttt ggg gga gct ggt ttg gaa 240
 Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80

tat gac aaa gat acc aca tgg cct gag tac atc gaa gga tgg aag agg 288
 Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95

ttg gct aag act gaa ttg gaa agg cat tca aag aat caa gtc aca ttg 336
 Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110

atc cga tta tgg ggt gat gct ttg ttc gac atc att gac aaa gat aga 384
 Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125

aat gga tcg gtt tcg tta gac gga tgg atc cag tac act cat tgt gct 432
 Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Gly Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140

ggc atc caa cag tca cgt ggg caa tgc gaa gct aca ttt gca cat tgc 480
 Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160

gat tta gat ggt gac ggt aaa ctt gat gtg gac gaa atg aca aga caa 528
 Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln
 165 170 175

cat ttg gga ttt tgg tat tcg gtc gac cca act tgt gaa gga ctc tac 576
 His Leu Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190

ggt ggt gct gta cct tat taa 597
 Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 92

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<400> 92

Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15

Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Lys His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30

Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45

Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60

Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80

Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95

Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110

Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125

Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Gly Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140

Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160

Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln
 165 170 175

His Leu Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190

Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 93

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(594)

<223>

<400> 93

atg tca atg ggc agc aga tac gca gtc aag ctt acg act gac ttt gat 48
 Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15

aat cca aaa tgg att gct cga cac aag cac atg ttc aac ttc ctt gac 96
 Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Lys His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30

atc aat tca aat ggc caa atc aat ctg aat gaa atg gtc cat aag gct 144
 Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45

tca aac att atc tgc aag aag ctt gga gca aca gaa gaa caa acc aaa 192
 Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60

cgt cat caa aag tgt gtc gaa gac ttc ttt ggg gga gct ggt ttg gaa 240
 Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80

tat gac aaa gat acc aca tgg cct gag tac atc gaa gga tgg aag agg 288
 Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95

ttg gct aag act gaa ttg gaa agg cat tca aag aat caa gtc aca ttg 336
 Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110

atc cga tta tgg ggt gat gct ttg ttc gac atc att gac aaa gat aga 384
 Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125

aat gga tcg gtt tcg tta gac gaa tgg atc cag tac act cat tgt gct 432
 Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140

ggc atc caa cag tca cgt ggg caa tgc gaa gct aca tcc gca cat tgc	480
Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Ser Ala His Cys	
145 150 155 160	
gat tta gat ggt gac ggt aaa ctt gat gtg gac gaa atg aca aga caa	528
Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln	
165 170 175	
cat ttg gga ttt tgg tat tcg gtc gac cca act tgt gaa gga ctc tac	576
His Leu Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr	
180 185 190	
ggt ggt gct gta cct tat taa	597
Gly Gly Ala Val Pro Tyr	
195	

<210> 94

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<400> 94

Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp	
1 5 10 15	
Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Lys His Met Phe Asn Phe Leu Asp	
20 25 30	
Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala	
35 40 45	
Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys	
50 55 60	
Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu	
65 70 75 80	
Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg	
85 90 95	
Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu	
100 105 110	
Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg	
115 120 125	
Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala	
130 135 140	
Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Ser Ala His Cys	
145 150 155 160	
Asp Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln	
165 170 175	

His Leu Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190

Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 95

<211> 597

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (594)

<223>

<400> 95

atg tca atg ggc agc aga tac gca gtc aag ctt acg act gac ttt gat 48
 Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15

aat cca aaa tgg att gct cga cac aag cac atg ttc aac ttc ctt gac 96
 Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Lys His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30

atc aat tca aat ggc caa atc aat ctg aat gaa atg gtc cat aag gct 144
 Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45

tca aac att atc tgc aag aag ctt gga gca aca gaa gaa caa acc aaa 192
 Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60

cgt cat caa aag tgt gtc gaa gac ttc ttt ggg gga gct ggt ttg gaa 240
 Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80

tat gac aaa gat acc aca tgg cct gag tac atc gaa gga tgg aag agg 288
 Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95

ttg gct aag act gaa ttg gaa agg cat tca aag aat caa gtc aca ttg 336
 Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110

atc cga tta tgg ggt gat gct ttg ttc gac atc att gac aaa gat aga 384
 Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125

aat gga tcg gtt tcg tta gac gaa tgg atc cag tac act cat tgt gct 432
 Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140

96

ggc atc caa cag tca cgt ggg caa tgc gaa gct aca ttt gca cat tgc 480
 Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160

ggg tta gat ggt gac ggt aaa ctt gat gtg gac gaa atg aca aga caa 528
 Gly Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln
 165 170 175

cat ttg gga ttt tgg tat tcg gtc gac cca act tgt gaa gga ctc tac 576
 His Leu Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190

ggg ggt gct gta cct tat taa 597
 Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 96

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<400> 96

Met Ser Met Gly Ser Arg Tyr Ala Val Lys Leu Thr Thr Asp Phe Asp
 1 5 10 15

Asn Pro Lys Trp Ile Ala Arg His Lys His Met Phe Asn Phe Leu Asp
 20 25 30

Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Glu Met Val His Lys Ala
 35 40 45

Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60

Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80

Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95

Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110

Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Asp Lys Asp Arg
 115 120 125

Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Glu Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140

Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Phe Ala His Cys
 145 150 155 160

Gly Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln
 165 170 175

His Leu Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190

Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 97

<211> 588

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (585)

<223>

<400> 97

atg tct tca aaa tac gca gtt aaa ctc aag act gac ttt gat aat cca 48
 Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

cga tgg atc aaa aga cac aag cac atg ttt gat ttc ctc gac atc aat 96
 Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

gga aat gga aaa atc acc ctc gat gga att gtg tcc aag gca tct gat 144
 Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Gly Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

gac ata tgt gcc aag ctc gaa gcc aca cca gaa caa aca aaa cgc cat 192
 Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

caa gtt tgt gtt gaa gct ttc ttt aga gga tgt gga atg gaa tat ggt 240
 Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

aaa gaa att gcc ttc cca caa ttc ctc gat gga tgg aaa caa ttg gcg 288
 Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

act tca gaa ctc aag aaa tgg gca aga aac gaa cct act ctc att cgt 336
 Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

gaa tgg gga gat gct gtc ttt gat att ttc gac aaa gat gga agt ggt 384
 Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

aca atc act ttg gac gaa tgg aaa gct tat gga aaa atc tct ggt atc 432
 Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

98

tct cca tca caa gaa gat tgt gaa gcg aca ttt cga cat tgc gat ttg	480
Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu	
145 150 155 160	
gac aac agt ggt gac ctt gat gtt gac gag atg aca aga caa cat ctt	528
Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Leu	
165 170 175	
gga ttc tgg tac act ttg gac cca gaa gct gat ggt ctc tat ggc aac	576
Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn	
180 185 190	
gga gtt ccc taa	588
Gly Val Pro	
195	

<210> 98

<211> 195

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<400> 98

Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro	
1 5 10 15	
Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn	
20 25 30	
Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Gly Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp	
35 40 45	
Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His	
50 55 60	
Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly	
65 70 75 80	
Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala	
85 90 95	
Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg	
100 105 110	
Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly	
115 120 125	
Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile	
130 135 140	
Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu	
145 150 155 160	
Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Leu	
165 170 175	

Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

Gly Val Pro
 195

<210> 99

<211> 588

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(585)

<223>

<400> 99

atg tct tca aaa tac gca gtt aaa ctc aag act gac ttt gat aat cca 48
 Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

cga tgg atc aaa aga cac aag cac atg ttt gat ttc ctc gac atc aat 96
 Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

gga aat gga aaa atc acc ctc gat gaa att gtg tcc aag gca tct gat 144
 Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

gac ata tgt gcc aag ctc gaa gcc aca cca gaa caa aca aaa cgc cat 192
 Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

caa gtt tgt gtt gaa gct ttc ttt aga gga tgt gga atg gaa tat ggt 240
 Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

aaa gaa att gcc ttc cca caa ttc ctc gat gga tgg aaa caa ttg gcg 288
 Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

act tca gaa ctc aag aaa tgg gca aga aac gaa cct act ctc att cgt 336
 Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

gaa tgg gga gat gct gtc ttt gat att ttc ggc aaa gat gga agt ggt 384
 Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Gly Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

aca atc act ttg gac gaa tgg aaa gct tat gga aaa atc tct ggt atc 432
 Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

100

tct cca tca caa gaa gat tgt gaa gcg aca ttt cga cat tgc gat ttg 480
 Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu
 145 150 155 160

gac aac agt ggt gac ctt gat gtt gac gag atg aca aga caa cat ctt 528
 Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Leu
 165 170 175

gga ttc tgg tac act ttg gac cca gaa gct gat ggt ctc tat ggc aac 576
 Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

gga gtt ccc taa 588
 Gly Val Pro
 195

<210> 100

<211> 195

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<400> 100

Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Gly Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu
 145 150 155 160

Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Leu
 165 170 175

Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

Gly Val Pro
 195

<210> 101

<211> 588

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (585)

<223>

<400> 101

atg tct tca aaa tac gca gtt aaa ctc aag act gac ttt gat aat cca 48
 Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

cga tgg atc aaa aga cac aag cac atg ttt gat ttc ctc gac atc aat 96
 Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

gga aat gga aaa atc acc ctc gat gaa att gtg tcc aag gca tct gat 144
 Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

gac ata tgt gcc aag ctc gaa gcc aca cca gaa caa aca aaa cgc cat 192
 Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

caa gtt tgt gtt gaa gct ttc ttt aga gga tgt gga atg gaa tat ggt 240
 Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

aaa gaa att gcc ttc cca caa ttc ctc gat gga tgg aaa caa ttg gcg 288
 Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

act tca gaa ctc aag aaa tgg gca aga aac gaa cct act ctc att cgt 336
 Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

gaa tgg gga gat gct gtc ttt gat att ttc gac aaa gat gga agt ggt 384
 Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

aca atc act ttg gac gga tgg aaa gct tat gga aaa atc tct ggt atc 432
 Thr Ile Thr Leu Asp Gly Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

102

tct cca tca caa gaa gat tgt gaa gcg aca ttt cga cat tgc gat ttg 480
 Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu
 145 150 155 160

gac aac agt ggt gac ctt gat gtt gac gag atg aca aga caa cat ctt 528
 Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Leu
 165 170 175

gga ttc tgg tac act ttg gac cca gaa gct gat ggt ctc tat ggc aac 576
 Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

gga gtt ccc taa 588
 Gly Val Pro
 195

<210> 102

<211> 195

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<400> 102

Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

Thr Ile Thr Leu Asp Gly Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Asp Leu
 145 150 155 160

Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Leu
 165 170 175

Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

Gly Val Pro
 195

<210> 103

<211> 588

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(585)

<223>

<400> 103

atg tct tca aaa tac gca gtt aaa ctc aag act gac ttt gat aat cca 48
 Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

cga tgg atc aaa aga cac aag cac atg ttt gat ttc ctc gac atc aat 96
 Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

gga aat gga aaa atc acc ctc gat gaa att gtg tcc aag gca tct gat 144
 Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

gac ata tgt gcc aag ctc gaa gcc aca cca gaa caa aca aaa cgc cat 192
 Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

caa gtt tgt gtt gaa gct ttc ttt aga gga tgt gga atg gaa tat ggt 240
 Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

aaa gaa att gcc ttc cca caa ttc ctc gat gga tgg aaa caa ttg gcg 288
 Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

act tca gaa ctc aag aaa tgg gca aga aac gaa cct act ctc att cgt 336
 Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

gaa tgg gga gat gct gtc ttt gat att ttc gac aaa gat gga agt ggt 384
 Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

aca atc act ttg gac gaa tgg aaa gct tat gga aaa atc tct ggt atc 432
 Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

104

tct cca tca caa gaa gat tgt gaa gcg aca tcc cga cat tgc gat ttg 480
 Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Ser Arg His Cys Asp Leu
 145 150 155 160

gac aac agt ggt gac ctt gat gtt gac gag atg aca aga caa cat ctt 528
 Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Leu
 165 170 175

gga ttc tgg tac act ttg gac cca gaa gct gat ggt ctc tat ggc aac 576
 Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

gga gtt ccc taa 588
 Gly Val Pro
 195

<210> 104

<211> 195

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<400> 104

Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Ser Arg His Cys Asp Leu
 145 150 155 160

Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Leu
 165 170 175

Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

Gly Val Pro
 195

<210> 105

<211> 588

<212> DNA

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (585)

<223>

<400> 105

atg tct tca aaa tac gca gtt aaa ctc aag act gac ttt gat aat cca 48
 Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

cga tgg atc aaa aga cac aag cac atg ttt gat ttc ctc gac atc aat 96
 Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

gga aat gga aaa atc acc ctc gat gaa att gtg tcc aag gca tct gat 144
 Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

gac ata tgt gcc aag ctc gaa gcc aca cca gaa caa aca aaa cgc cat 192
 Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

caa gtt tgt gtt gaa gct ttc ttt aga gga tgt gga atg gaa tat ggt 240
 Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

aaa gaa att gcc ttc cca caa ttc ctc gat gga tgg aaa caa ttg gcg 288
 Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

act tca gaa ctc aag aaa tgg gca aga aac gaa cct act ctc att cgt 336
 Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

gaa tgg gga gat gct gtc ttt gat att ttc gac aaa gat gga agt ggt 384
 Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

aca atc act ttg gac gaa tgg aaa gct tat gga aaa atc tct ggt atc 432
 Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

106

tct cca tca caa gaa gat tgt gaa gcg aca ttt cga cat tgc ggt ttg 480
 Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Gly Leu
 145 150 155 160

gac aac agt ggt gac ctt gat gtt gac gag atg aca aga caa cat ctt 528
 Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Leu
 165 170 175

gga ttc tgg tac act ttg gac cca gaa gct gat ggt ctc tat ggc aac 576
 Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

gga gtt ccc taa 588
 Gly Val Pro
 195

<210> 106

<211> 195

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<400> 106

Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15

Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30

Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Glu Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45

Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60

Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80

Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95

Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110

Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Asp Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125

Thr Ile Thr Leu Asp Glu Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140

Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Phe Arg His Cys Gly Leu
 145 150 155 160

Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Leu
 165 170 175

Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190

Gly Val Pro
 195

<210> 107

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (45)..(45)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (54)..(54)

<223> X représente V ou A

<221> MISC_FEATURE

<222> (127)..(127)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (138)..(138)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (159)..(159)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (163)..(163)

<223> X représente D ou G

<400> 107

Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
 1 5 10 15

Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Arg His Met Phe Asn Phe
 20 25 30
 Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Xaa Met Val Tyr
 35 40 45
 Lys Ala Ser Asp Ile Xaa Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
 50 55 60
 Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
 65 70 75 80
 Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
 85 90 95
 Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
 100 105 110
 Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Xaa Lys
 115 120 125
 Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Xaa Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
 130 135 140
 Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Xaa Arg
 145 150 155 160
 Val Cys Xaa Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
 165 170 175
 Arg Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
 180 185 190
 Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
 195

<210> 108

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (45)..(45)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (54)..(54)

<223> X représente V ou A

<221> MISC_FEATURE

<222> (127)..(127)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (138)..(138)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (159)..(159)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (163)..(163)

<223> X représente D ou G

<400> 108

Met	Leu	Tyr	Asp	Val	Pro	Asp	Tyr	Ala	Ser	Leu	Lys	Leu	Thr	Ser	Asp
1				5					10					15	

Phe	Asp	Asn	Pro	Arg	Trp	Ile	Gly	Arg	His	Lys	His	Met	Phe	Asn	Phe
			20					25					30		

Leu	Asp	Val	Asn	His	Asn	Gly	Lys	Ile	Ser	Leu	Asp	Xaa	Met	Val	Tyr
		35				40						45			

Lys	Ala	Ser	Asp	Ile	Xaa	Ile	Asn	Asn	Leu	Gly	Ala	Thr	Pro	Glu	Gln
	50					55					60				

Ala	Lys	Arg	His	Lys	Asp	Ala	Val	Glu	Ala	Phe	Phe	Gly	Gly	Ala	Gly
65					70					75					80

Met	Lys	Tyr	Gly	Val	Glu	Thr	Asp	Trp	Pro	Ala	Tyr	Ile	Glu	Gly	Trp
				85					90					95	

Lys	Lys	Leu	Ala	Thr	Asp	Glu	Leu	Glu	Lys	Tyr	Ala	Lys	Asn	Glu	Pro
			100					105					110		

Thr	Leu	Ile	Arg	Ile	Trp	Gly	Asp	Ala	Leu	Phe	Asp	Ile	Val	Xaa	Lys
		115					120					125			

Asp	Gln	Asn	Gly	Ala	Ile	Thr	Leu	Asp	Xaa	Trp	Lys	Ala	Tyr	Thr	Lys
	130					135					140				

Ala	Ala	Gly	Ile	Ile	Gln	Ser	Ser	Glu	Asp	Cys	Glu	Glu	Thr	Xaa	Arg
145					150					155					160

Val	Cys	Xaa	Ile	Asp	Glu	Ser	Gly	Gln	Leu	Asp	Val	Asp	Glu	Met	Thr
			165						170					175	

Arg	Arg	His	Leu	Gly	Phe	Trp	Tyr	Thr	Met	Asp	Pro	Ala	Cys	Glu	Lys
			180					185					190		

Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
195

<210> 109

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (45)..(45)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (54)..(54)

<223> X représente V ou A

<221> MISC_FEATURE

<222> (127)..(127)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (138)..(138)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (159)..(159)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (163)..(163)

<223> X représente D ou G

<400> 109

Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
1 5 10 15

Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Lys His Met Phe Asn Phe
20 25 30

Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Xaa Met Val Tyr
35 40 45
Lys Ala Ser Asp Ile Xaa Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
50 55 60
Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
65 70 75 80
Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
85 90 95
Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
100 105 110
Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Xaa Lys
115 120 125
Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Xaa Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
130 135 140
Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Xaa Arg
145 150 155 160
Val Cys Xaa Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
165 170 175
Arg Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
180 185 190
Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
195

<210> 110

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (45)..(45)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (54)..(54)

<223> X représente V ou A

<221> MISC_FEATURE

<222> (127)..(127)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (138)..(138)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (159)..(159)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (163)..(163)

<223> X représente D ou G

<400> 110

Met Leu Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Lys Leu Thr Ser Asp
1 5 10 15

Phe Asp Asn Pro Arg Trp Ile Gly Arg His Arg His Met Phe Asn Phe
20 25 30

Leu Asp Val Asn His Asn Gly Lys Ile Ser Leu Asp Xaa Met Val Tyr
35 40 45

Lys Ala Ser Asp Ile Xaa Ile Asn Asn Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln
50 55 60

Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
65 70 75 80

Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
85 90 95

Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
100 105 110

Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Xaa Lys
115 120 125

Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Xaa Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
130 135 140

Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Xaa Arg
145 150 155 160

Val Cys Xaa Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
165 170 175

Arg Arg His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
180 185 190

Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
195

<210> 111

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (45)..(45)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (54)..(54)

<223> X représente V ou A

<221> MISC_FEATURE

<222> (127)..(127)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (138)..(138)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (159)..(159)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (163)..(163)

<223> X représente D ou G

<400> 111

Met	Leu	Tyr	Asp	Val	Pro	Asp	Tyr	Ala	Ser	Leu	Lys	Leu	Thr	Ser	Asp
1				5				10						15	

Phe	Asp	Asn	Pro	Arg	Trp	Ile	Gly	Arg	His	Arg	His	Met	Phe	Asn	Phe
		20					25						30		

Leu	Asp	Val	Asn	His	Asn	Gly	Lys	Ile	Ser	Leu	Asp	Xaa	Met	Val	Tyr
		35				40						45			

Lys	Ala	Ser	Asp	Ile	Xaa	Ile	Asn	Asn	Leu	Gly	Ala	Thr	Pro	Glu	Gln
	50					55					60				

Ala Lys Arg His Lys Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gly
65 70 75 80
Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
85 90 95
Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
100 105 110
Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Xaa Lys
115 120 125
Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Xaa Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
130 135 140
Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Xaa Arg
145 150 155 160
Val Cys Xaa Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
165 170 175
Arg Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
180 185 190
Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
195

<210> 112

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (45)..(45)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (54)..(54)

<223> X représente V ou A

<221> MISC_FEATURE

<222> (127)..(127)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (138)..(138)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (159)..(159)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (163)..(163)

<223> X représente D ou G

<400> 112

Met	Leu	Tyr	Asp	Val	Pro	Asp	Tyr	Ala	Ser	Leu	Lys	Leu	Thr	Ser	Asp
1				5					10					15	

Phe	Asp	Asn	Pro	Arg	Trp	Ile	Gly	Arg	His	Lys	His	Met	Phe	Asn	Phe
			20					25					30		

Leu	Asp	Val	Asn	His	Asn	Gly	Lys	Ile	Ser	Leu	Asp	Xaa	Met	Val	Tyr
		35					40					45			

Lys	Ala	Ser	Asp	Ile	Xaa	Ile	Asn	Asn	Leu	Gly	Ala	Thr	Pro	Glu	Gln
	50					55					60				

Ala	Lys	Arg	His	Lys	Asp	Ala	Val	Glu	Ala	Phe	Phe	Gly	Gly	Ala	Gly
65					70					75					80

Met	Lys	Tyr	Gly	Val	Glu	Thr	Asp	Trp	Pro	Ala	Tyr	Ile	Glu	Gly	Trp
				85					90					95	

Lys	Lys	Leu	Ala	Thr	Asp	Glu	Leu	Glu	Lys	Tyr	Ala	Lys	Asn	Glu	Pro
			100					105						110	

Thr	Leu	Ile	Arg	Ile	Trp	Gly	Asp	Ala	Leu	Phe	Asp	Ile	Val	Xaa	Lys
		115					120					125			

Asp	Gln	Asn	Gly	Ala	Ile	Thr	Leu	Asp	Xaa	Trp	Lys	Ala	Tyr	Thr	Lys
	130					135					140				

Ala	Ala	Gly	Ile	Ile	Gln	Ser	Ser	Glu	Asp	Cys	Glu	Glu	Thr	Xaa	Arg
145					150					155					160

Val	Cys	Xaa	Ile	Asp	Glu	Ser	Gly	Gln	Leu	Asp	Val	Asp	Glu	Met	Thr
				165					170					175	

Arg	Arg	His	Ile	Gly	Phe	Trp	Tyr	Thr	Met	Asp	Pro	Ala	Cys	Glu	Lys
			180					185					190		

Leu	Tyr	Gly	Gly	Ala	Val	Pro
						195

<210> 113

<211> 199

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'aequorine

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (45)..(45)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (54)..(54)

<223> X représente V ou A

<221> MISC_FEATURE

<222> (127)..(127)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (138)..(138)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (159)..(159)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (163)..(163)

<223> X représente D ou G

<400> 113

Met	Leu	Tyr	Asp	Val	Pro	Asp	Tyr	Ala	Ser	Leu	Lys	Leu	Thr	Ser	Asp
1				5					10					15	

Phe	Asp	Asn	Pro	Arg	Trp	Ile	Gly	Arg	His	Arg	His	Met	Phe	Asn	Phe
			20					25					30		

Leu	Asp	Val	Asn	His	Asn	Gly	Lys	Ile	Ser	Leu	Asp	Xaa	Met	Val	Tyr
		35					40					45			

Lys	Ala	Ser	Asp	Ile	Xaa	Ile	Asn	Asn	Leu	Gly	Ala	Thr	Pro	Glu	Gln
	50					55					60				

Ala	Lys	Arg	His	Lys	Asp	Ala	Val	Glu	Ala	Phe	Phe	Gly	Gly	Ala	Gly
65					70					75				80	

117

Met Lys Tyr Gly Val Glu Thr Asp Trp Pro Ala Tyr Ile Glu Gly Trp
85 90 95

Lys Lys Leu Ala Thr Asp Glu Leu Glu Lys Tyr Ala Lys Asn Glu Pro
100 105 110

Thr Leu Ile Arg Ile Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Val Xaa Lys
115 120 125

Asp Gln Asn Gly Ala Ile Thr Leu Asp Xaa Trp Lys Ala Tyr Thr Lys
130 135 140

Ala Ala Gly Ile Ile Gln Ser Ser Glu Asp Cys Glu Glu Thr Xaa Arg
145 150 155 160

Val Cys Xaa Ile Asp Glu Ser Gly Gln Leu Asp Val Asp Glu Met Thr
165 170 175

Arg Arg His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Met Asp Pro Ala Cys Glu Lys
180 185 190

Leu Tyr Gly Gly Ala Val Pro
195

<210> 114

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (44)..(44)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (126)..(126)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (137)..(137)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (158)..(158)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (162)..(162)

<223> X représente D ou G

<400> 114

```

Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
1          5          10          15
Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Arg Phe Met Phe Asn Phe Leu
20          25          30
Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Xaa Ile Val Ser Lys
35          40          45
Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
50          55          60
Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
65          70          75          80
Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
85          90          95
Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
100         105         110
Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Xaa Lys Asp
115         120         125
Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Xaa Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
130         135         140
Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Xaa Lys His
145         150         155         160
Cys Xaa Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
165         170         175
Gln His Leu Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
180         185         190
Tyr Gly Asn Phe Val Pro
195

```

<210> 115

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (44)..(44)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (126)..(126)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (137)..(137)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (158)..(158)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (162)..(162)

<223> X représente D ou G

<400> 115

Met	Ala	Asp	Thr	Ala	Ser	Lys	Tyr	Ala	Val	Lys	Leu	Arg	Pro	Asn	Phe
1				5					10					15	

Asp	Asn	Pro	Lys	Trp	Val	Asn	Arg	His	Lys	Phe	Met	Phe	Asn	Phe	Leu
			20					25					30		

Asp	Ile	Asn	Gly	Asp	Gly	Lys	Ile	Thr	Leu	Asp	Xaa	Ile	Val	Ser	Lys
		35					40					45			

Ala	Ser	Asp	Asp	Ile	Cys	Ala	Lys	Leu	Gly	Ala	Thr	Pro	Glu	Gln	Thr
	50					55					60				

Lys	Arg	His	Gln	Asp	Ala	Val	Glu	Ala	Phe	Phe	Lys	Lys	Ile	Gly	Met
65					70					75					80

Asp	Tyr	Gly	Lys	Glu	Val	Glu	Phe	Pro	Ala	Phe	Val	Asp	Gly	Trp	Lys
			85						90					95	

Glu	Leu	Ala	Asn	Tyr	Asp	Leu	Lys	Leu	Trp	Ser	Gln	Asn	Lys	Lys	Ser
			100					105					110		

Leu	Ile	Arg	Asp	Trp	Gly	Glu	Ala	Val	Phe	Asp	Ile	Phe	Xaa	Lys	Asp
			115				120						125		

Gly	Ser	Gly	Ser	Ile	Ser	Leu	Asp	Xaa	Trp	Lys	Ala	Tyr	Gly	Arg	Ile
		130				135						140			

Ser	Gly	Ile	Cys	Ser	Ser	Asp	Glu	Asp	Ala	Glu	Lys	Thr	Xaa	Lys	His
145					150					155					160

<210> 116

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

 $\langle 220 \rangle$

<221> MISC FEATURE

$$\langle 222 \rangle \quad (44) \dots (44)$$

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC FEATURE

 $\langle 222 \rangle \quad (126) \dots (126)$

<223> X représente D ou G

<221> MISC FEATURE

<222> (137) .. (137)

<223> X représente E ou G

<221> MISC FEATURE

<222> (158) .. (158)

<223> X représente F ou S

<221> MISC FEATURE

$$\langle 222 \rangle \quad (162) \dots (162)$$

<223> X représente D ou G

<400> 116

Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
1 5 10 15

Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
20 25 30

Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Xaa Ile Val Ser Lys
35 40 45

Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60
 Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80
 Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95
 Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110
 Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Xaa Lys Asp
 115 120 125
 Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Xaa Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140
 Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Xaa Lys His
 145 150 155 160
 Cys Xaa Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175
 Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190
 Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 117

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (44)..(44)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (126)..(126)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (137)..(137)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (158)..(158)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (162)..(162)

<223> X représente D ou G

<400> 117

Met	Ala	Asp	Thr	Ala	Ser	Lys	Tyr	Ala	Val	Lys	Leu	Arg	Pro	Asn	Phe	1	5	10	15
Asp	Asn	Pro	Lys	Trp	Val	Asn	Arg	His	Arg	Phe	Met	Phe	Asn	Phe	Leu	20	25	30	
Asp	Ile	Asn	Gly	Asp	Gly	Lys	Ile	Thr	Leu	Asp	Xaa	Ile	Val	Ser	Lys	35	40	45	
Ala	Ser	Asp	Asp	Ile	Cys	Ala	Lys	Leu	Gly	Ala	Thr	Pro	Glu	Gln	Thr	50	55	60	
Lys	Arg	His	Gln	Asp	Ala	Val	Glu	Ala	Phe	Phe	Lys	Lys	Ile	Gly	Met	65	70	75	80
Asp	Tyr	Gly	Lys	Glu	Val	Glu	Phe	Pro	Ala	Phe	Val	Asp	Gly	Trp	Lys	85	90	95	
Glu	Leu	Ala	Asn	Tyr	Asp	Leu	Lys	Leu	Trp	Ser	Gln	Asn	Lys	Lys	Ser	100	105	110	
Leu	Ile	Arg	Asp	Trp	Gly	Glu	Ala	Val	Phe	Asp	Ile	Phe	Xaa	Lys	Asp	115	120	125	
Gly	Ser	Gly	Ser	Ile	Ser	Leu	Asp	Xaa	Trp	Lys	Ala	Tyr	Gly	Arg	Ile	130	135	140	
Ser	Gly	Ile	Cys	Ser	Ser	Asp	Glu	Asp	Ala	Glu	Lys	Thr	Xaa	Lys	His	145	150	155	160
Cys	Xaa	Leu	Asp	Asn	Ser	Gly	Lys	Leu	Asp	Val	Asp	Glu	Met	Thr	Arg	165	170	175	
Arg	His	Leu	Gly	Phe	Trp	Tyr	Thr	Leu	Asp	Pro	Asn	Ala	Asp	Gly	Leu	180	185	190	
Tyr	Gly	Asn	Phe	Val	Pro	195													

<210> 118

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (44)..(44)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (126)..(126)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (137)..(137)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (158)..(158)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (162)..(162)

<223> X représente D ou G

<400> 118

Met	Ala	Asp	Thr	Ala	Ser	Lys	Tyr	Ala	Val	Lys	Leu	Arg	Pro	Asn	Phe
1				5					10					15	

Asp	Asn	Pro	Lys	Trp	Val	Asn	Arg	His	Arg	Phe	Met	Phe	Asn	Phe	Leu
			20					25					30		

Asp	Ile	Asn	Gly	Asp	Gly	Lys	Ile	Thr	Leu	Asp	Xaa	Ile	Val	Ser	Lys
		35				40						45			

Ala	Ser	Asp	Asp	Ile	Cys	Ala	Lys	Leu	Gly	Ala	Thr	Pro	Glu	Gln	Thr
	50					55					60				

Lys	Arg	His	Gln	Asp	Ala	Val	Glu	Ala	Phe	Phe	Lys	Lys	Ile	Gly	Met
65				70					75						80

Asp	Tyr	Gly	Lys	Glu	Val	Glu	Phe	Pro	Ala	Phe	Val	Asp	Gly	Trp	Lys
			85					90						95	

Glu	Leu	Ala	Asn	Tyr	Asp	Leu	Lys	Leu	Trp	Ser	Gln	Asn	Lys	Lys	Ser
			100					105					110		

Leu	Ile	Arg	Asp	Trp	Gly	Glu	Ala	Val	Phe	Asp	Ile	Phe	Xaa	Lys	Asp
			115				120						125		

Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Xaa Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
130 135 140
Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Xaa Lys His
145 150 155 160
Cys Xaa Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
165 170 175
Gln His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
180 185 190
Tyr Gly Asn Phe Val Pro
195

<210> 119

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (44)..(44)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (126)..(126)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (137)..(137)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (158)..(158)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (162)..(162)

<223> X représente D ou G

<400> 119

125

Met Ala Asp Thr Ala Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Arg Pro Asn Phe
 1 5 10 15
 Asp Asn Pro Lys Trp Val Asn Arg His Lys Phe Met Phe Asn Phe Leu
 20 25 30
 Asp Ile Asn Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Asp Xaa Ile Val Ser Lys
 35 40 45
 Ala Ser Asp Asp Ile Cys Ala Lys Leu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Thr
 50 55 60
 Lys Arg His Gln Asp Ala Val Glu Ala Phe Phe Lys Lys Ile Gly Met
 65 70 75 80
 Asp Tyr Gly Lys Glu Val Glu Phe Pro Ala Phe Val Asp Gly Trp Lys
 85 90 95
 Glu Leu Ala Asn Tyr Asp Leu Lys Leu Trp Ser Gln Asn Lys Lys Ser
 100 105 110
 Leu Ile Arg Asp Trp Gly Glu Ala Val Phe Asp Ile Phe Xaa Lys Asp
 115 120 125
 Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Asp Xaa Trp Lys Ala Tyr Gly Arg Ile
 130 135 140
 Ser Gly Ile Cys Ser Ser Asp Glu Asp Ala Glu Lys Thr Xaa Lys His
 145 150 155 160
 Cys Xaa Leu Asp Asn Ser Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg
 165 170 175
 Arg His Ile Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Asn Ala Asp Gly Leu
 180 185 190
 Tyr Gly Asn Phe Val Pro
 195

<210> 120

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la clytine

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (44)..(44)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (126)..(126)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (137)..(137)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (158)..(158)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (162)..(162)

<223> X représente D ou G

<400> 120

Met	Ala	Asp	Thr	Ala	Ser	Lys	Tyr	Ala	Val	Lys	Leu	Arg	Pro	Asn	Phe
1				5					10					15	

Asp	Asn	Pro	Lys	Trp	Val	Asn	Arg	His	Arg	Phe	Met	Phe	Asn	Phe	Leu
			20					25					30		

Asp	Ile	Asn	Gly	Asp	Gly	Lys	Ile	Thr	Leu	Asp	Xaa	Ile	Val	Ser	Lys
		35					40					45			

Ala	Ser	Asp	Asp	Ile	Cys	Ala	Lys	Leu	Gly	Ala	Thr	Pro	Glu	Gln	Thr
	50					55					60				

Lys	Arg	His	Gln	Asp	Ala	Val	Glu	Ala	Phe	Phe	Lys	Lys	Ile	Gly	Met
65					70					75					80

Asp	Tyr	Gly	Lys	Glu	Val	Glu	Phe	Pro	Ala	Phe	Val	Asp	Gly	Trp	Lys
				85					90					95	

Glu	Leu	Ala	Asn	Tyr	Asp	Leu	Lys	Leu	Trp	Ser	Gln	Asn	Lys	Lys	Ser
			100					105					110		

Leu	Ile	Arg	Asp	Trp	Gly	Glu	Ala	Val	Phe	Asp	Ile	Phe	Xaa	Lys	Asp
		115					120					125			

Gly	Ser	Gly	Ser	Ile	Ser	Leu	Asp	Xaa	Trp	Lys	Ala	Tyr	Gly	Arg	Ile
	130					135					140				

Ser	Gly	Ile	Cys	Ser	Ser	Asp	Glu	Asp	Ala	Glu	Lys	Thr	Xaa	Lys	His
145					150					155					160

Cys	Xaa	Leu	Asp	Asn	Ser	Gly	Lys	Leu	Asp	Val	Asp	Glu	Met	Thr	Arg
				165					170					175	

Arg	His	Ile	Gly	Phe	Trp	Tyr	Thr	Leu	Asp	Pro	Asn	Ala	Asp	Gly	Leu
			180					185					190		

Tyr	Gly	Asn	Phe	Val	Pro
					195

<210> 121

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (43)..(43)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (125)..(125)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (136)..(136)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (157)..(157)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (161)..(161)

<223> X représente D ou G

<400> 121

Met	Ser	Met	Gly	Ser	Arg	Tyr	Ala	Val	Lys	Leu	Thr	Thr	Asp	Phe	Asp
1				5					10					15	

Asn	Pro	Lys	Trp	Ile	Ala	Arg	His	Arg	His	Met	Phe	Asn	Phe	Leu	Asp
		20						25					30		

Ile	Asn	Ser	Asn	Gly	Gln	Ile	Asn	Leu	Asn	Xaa	Met	Val	His	Lys	Ala
		35					40					45			

Ser	Asn	Ile	Ile	Cys	Lys	Lys	Leu	Gly	Ala	Thr	Glu	Glu	Gln	Thr	Lys
	50					55					60				

Arg	His	Gln	Lys	Cys	Val	Glu	Asp	Phe	Phe	Gly	Gly	Ala	Gly	Leu	Glu
65					70					75					80

Tyr	Asp	Lys	Asp	Thr	Thr	Trp	Pro	Glu	Tyr	Ile	Glu	Gly	Trp	Lys	Arg
				85					90					95	

Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110
 Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Xaa Lys Asp Arg
 115 120 125
 Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Xaa Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140
 Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Xaa Ala His Cys
 145 150 155 160
 Xaa Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln
 165 170 175
 His Leu Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190
 Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 122

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (43)..(43)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (125)..(125)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (136)..(136)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (157)..(157)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (161)..(161)

<223> X représente D ou G

<400> 122

Met	Ser	Met	Gly	Ser	Arg	Tyr	Ala	Val	Lys	Leu	Thr	Thr	Asp	Phe	Asp
1				5					10					15	
Asn	Pro	Lys	Trp	Ile	Ala	Arg	His	Lys	His	Met	Phe	Asn	Phe	Leu	Asp
			20					25					30		
Ile	Asn	Ser	Asn	Gly	Gln	Ile	Asn	Leu	Asn	Xaa	Met	Val	His	Lys	Ala
		35					40					45			
Ser	Asn	Ile	Ile	Cys	Lys	Lys	Leu	Gly	Ala	Thr	Glu	Glu	Gln	Thr	Lys
	50					55					60				
Arg	His	Gln	Lys	Cys	Val	Glu	Asp	Phe	Phe	Gly	Gly	Ala	Gly	Leu	Glu
65					70					75					80
Tyr	Asp	Lys	Asp	Thr	Thr	Trp	Pro	Glu	Tyr	Ile	Glu	Gly	Trp	Lys	Arg
				85					90					95	
Leu	Ala	Lys	Thr	Glu	Leu	Glu	Arg	His	Ser	Lys	Asn	Gln	Val	Thr	Leu
			100					105					110		
Ile	Arg	Leu	Trp	Gly	Asp	Ala	Leu	Phe	Asp	Ile	Ile	Xaa	Lys	Asp	Arg
		115					120					125			
Asn	Gly	Ser	Val	Ser	Leu	Asp	Xaa	Trp	Ile	Gln	Tyr	Thr	His	Cys	Ala
	130					135					140				
Gly	Ile	Gln	Gln	Ser	Arg	Gly	Gln	Cys	Glu	Ala	Thr	Xaa	Ala	His	Cys
145					150					155					160
Xaa	Leu	Asp	Gly	Asp	Gly	Lys	Leu	Asp	Val	Asp	Glu	Met	Thr	Arg	Arg
				165					170					175	
His	Leu	Gly	Phe	Trp	Tyr	Ser	Val	Asp	Pro	Thr	Cys	Glu	Gly	Leu	Tyr
			180					185					190		
Gly	Gly	Ala	Val	Pro	Tyr										
			195												

<210> 123

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (43)..(43)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (125)..(125)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (136)..(136)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (157)..(157)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (161)..(161)

<223> X représente D ou G

<400> 123

Met	Ser	Met	Gly	Ser	Arg	Tyr	Ala	Val	Lys	Leu	Thr	Thr	Asp	Phe	Asp
1				5					10					15	

Asn	Pro	Lys	Trp	Ile	Ala	Arg	His	Lys	His	Met	Phe	Asn	Phe	Leu	Asp
			20					25					30		

Ile	Asn	Ser	Asn	Gly	Gln	Ile	Asn	Leu	Asn	Xaa	Met	Val	His	Lys	Ala
			35				40					45			

Ser	Asn	Ile	Ile	Cys	Lys	Lys	Leu	Gly	Ala	Thr	Glu	Glu	Gln	Thr	Lys
	50					55					60				

Arg	His	Gln	Lys	Cys	Val	Glu	Asp	Phe	Phe	Gly	Gly	Ala	Gly	Leu	Glu
65					70					75					80

Tyr	Asp	Lys	Asp	Thr	Thr	Trp	Pro	Glu	Tyr	Ile	Glu	Gly	Trp	Lys	Arg
				85					90					95	

Leu	Ala	Lys	Thr	Glu	Leu	Glu	Arg	His	Ser	Lys	Asn	Gln	Val	Thr	Leu
			100					105					110		

Ile	Arg	Leu	Trp	Gly	Asp	Ala	Leu	Phe	Asp	Ile	Ile	Xaa	Lys	Asp	Arg
		115					120					125			

Asn	Gly	Ser	Val	Ser	Leu	Asp	Xaa	Trp	Ile	Gln	Tyr	Thr	His	Cys	Ala
	130					135					140				

Gly	Ile	Gln	Gln	Ser	Arg	Gly	Gln	Cys	Glu	Ala	Thr	Xaa	Ala	His	Cys
145					150					155					160

Xaa	Leu	Asp	Gly	Asp	Gly	Lys	Leu	Asp	Val	Asp	Glu	Met	Thr	Arg	Gln
			165						170					175	

His	Ile	Gly	Phe	Trp	Tyr	Ser	Val	Asp	Pro	Thr	Cys	Glu	Gly	Leu	Tyr
			180					185					190		

Gly Gly Ala Val Pro Tyr
195

<210> 124

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (43)..(43)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (125)..(125)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (136)..(136)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (157)..(157)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (161)..(161)

<223> X représente D ou G

<400> 124

Met	Ser	Met	Gly	Ser	Arg	Tyr	Ala	Val	Lys	Leu	Thr	Thr	Asp	Phe	Asp
1				5					10					15	

Asn	Pro	Lys	Trp	Ile	Ala	Arg	His	Arg	His	Met	Phe	Asn	Phe	Leu	Asp
			20					25					30		

Ile	Asn	Ser	Asn	Gly	Gln	Ile	Asn	Leu	Asn	Xaa	Met	Val	His	Lys	Ala
			35				40					45			

Ser	Asn	Ile	Ile	Cys	Lys	Lys	Leu	Gly	Ala	Thr	Glu	Glu	Gln	Thr	Lys
						55					60				

Arg	His	Gln	Lys	Cys	Val	Glu	Asp	Phe	Phe	Gly	Gly	Ala	Gly	Leu	Glu
65					70					75					80
Tyr	Asp	Lys	Asp	Thr	Thr	Trp	Pro	Glu	Tyr	Ile	Glu	Gly	Trp	Lys	Arg
				85					90					95	
Leu	Ala	Lys	Thr	Glu	Leu	Glu	Arg	His	Ser	Lys	Asn	Gln	Val	Thr	Leu
			100					105					110		
Ile	Arg	Leu	Trp	Gly	Asp	Ala	Leu	Phe	Asp	Ile	Ile	Xaa	Lys	Asp	Arg
	115						120					125			
Asn	Gly	Ser	Val	Ser	Leu	Asp	Xaa	Trp	Ile	Gln	Tyr	Thr	His	Cys	Ala
	130					135					140				
Gly	Ile	Gln	Gln	Ser	Arg	Gly	Gln	Cys	Glu	Ala	Thr	Xaa	Ala	His	Cys
145					150					155					160
Xaa	Leu	Asp	Gly	Asp	Gly	Lys	Leu	Asp	Val	Asp	Glu	Met	Thr	Arg	Arg
				165					170					175	
His	Leu	Gly	Phe	Trp	Tyr	Ser	Val	Asp	Pro	Thr	Cys	Glu	Gly	Leu	Tyr
			180					185					190		
Gly	Gly	Ala	Val	Pro	Tyr										
			195												

<210> 125

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (43)..(43)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (125)..(125)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (136)..(136)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (157)..(157)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (161)..(161)

<223> X représente D ou G

<400> 125

Met	Ser	Met	Gly	Ser	Arg	Tyr	Ala	Val	Lys	Leu	Thr	Thr	Asp	Phe	Asp
1				5					10					15	
Asn	Pro	Lys	Trp	Ile	Ala	Arg	His	Arg	His	Met	Phe	Asn	Phe	Leu	Asp
		20						25					30		
Ile	Asn	Ser	Asn	Gly	Gln	Ile	Asn	Leu	Asn	Xaa	Met	Val	His	Lys	Ala
		35					40					45			
Ser	Asn	Ile	Ile	Cys	Lys	Lys	Leu	Gly	Ala	Thr	Glu	Glu	Gln	Thr	Lys
	50					55					60				
Arg	His	Gln	Lys	Cys	Val	Glu	Asp	Phe	Phe	Gly	Gly	Ala	Gly	Leu	Glu
65					70					75					80
Tyr	Asp	Lys	Asp	Thr	Thr	Trp	Pro	Glu	Tyr	Ile	Glu	Gly	Trp	Lys	Arg
				85					90					95	
Leu	Ala	Lys	Thr	Glu	Leu	Glu	Arg	His	Ser	Lys	Asn	Gln	Val	Thr	Leu
			100					105					110		
Ile	Arg	Leu	Trp	Gly	Asp	Ala	Leu	Phe	Asp	Ile	Ile	Xaa	Lys	Asp	Arg
		115					120					125			
Asn	Gly	Ser	Val	Ser	Leu	Asp	Xaa	Trp	Ile	Gln	Tyr	Thr	His	Cys	Ala
	130					135						140			
Gly	Ile	Gln	Gln	Ser	Arg	Gly	Gln	Cys	Glu	Ala	Thr	Xaa	Ala	His	Cys
145					150					155					160
Xaa	Leu	Asp	Gly	Asp	Gly	Lys	Leu	Asp	Val	Asp	Glu	Met	Thr	Arg	Gln
				165					170					175	
His	Ile	Gly	Phe	Trp	Tyr	Ser	Val	Asp	Pro	Thr	Cys	Glu	Gly	Leu	Tyr
			180					185					190		
Gly	Gly	Ala	Val	Pro	Tyr										
			195												

<210> 126

<211> 198

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de la mitrocomine

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (43)..(43)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (125)..(125)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (136)..(136)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (157)..(157)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (161)..(161)

<223> X représente D ou G

<400> 126

Met	Ser	Met	Gly	Ser	Arg	Tyr	Ala	Val	Lys	Leu	Thr	Thr	Asp	Phe	Asp
1				5					10					15	

Asn	Pro	Lys	Trp	Ile	Ala	Arg	His	Lys	His	Met	Phe	Asn	Phe	Leu	Asp
		20						25					30		

Ile	Asn	Ser	Asn	Gly	Gln	Ile	Asn	Leu	Asn	Xaa	Met	Val	His	Lys	Ala
		35					40					45			

Ser	Asn	Ile	Ile	Cys	Lys	Lys	Leu	Gly	Ala	Thr	Glu	Glu	Gln	Thr	Lys
	50					55					60				

Arg	His	Gln	Lys	Cys	Val	Glu	Asp	Phe	Phe	Gly	Gly	Ala	Gly	Leu	Glu
65					70					75				80	

Tyr	Asp	Lys	Asp	Thr	Thr	Trp	Pro	Glu	Tyr	Ile	Glu	Gly	Trp	Lys	Arg
				85					90					95	

Leu	Ala	Lys	Thr	Glu	Leu	Glu	Arg	His	Ser	Lys	Asn	Gln	Val	Thr	Leu
			100					105					110		

Ile	Arg	Leu	Trp	Gly	Asp	Ala	Leu	Phe	Asp	Ile	Ile	Xaa	Lys	Asp	Arg
		115					120					125			

Asn	Gly	Ser	Val	Ser	Leu	Asp	Xaa	Trp	Ile	Gln	Tyr	Thr	His	Cys	Ala
	130					135					140				

Gly	Ile	Gln	Gln	Ser	Arg	Gly	Gln	Cys	Glu	Ala	Thr	Xaa	Ala	His	Cys
145					150					155					160

[illegible]

<400> 127

Met	Ser	Met	Gly	Ser	Arg	Tyr	Ala	Val	Lys	Leu	Thr	Thr	Asp	Phe	Asp
1				5					10					15	
Asn	Pro	Lys	Trp	Ile	Ala	Arg	His	Arg	His	Met	Phe	Asn	Phe	Leu	Asp
			20					25					30		

Ile Asn Ser Asn Gly Gln Ile Asn Leu Asn Xaa Met Val His Lys Ala
 35 40 45
 Ser Asn Ile Ile Cys Lys Lys Leu Gly Ala Thr Glu Glu Gln Thr Lys
 50 55 60
 Arg His Gln Lys Cys Val Glu Asp Phe Phe Gly Gly Ala Gly Leu Glu
 65 70 75 80
 Tyr Asp Lys Asp Thr Thr Trp Pro Glu Tyr Ile Glu Gly Trp Lys Arg
 85 90 95
 Leu Ala Lys Thr Glu Leu Glu Arg His Ser Lys Asn Gln Val Thr Leu
 100 105 110
 Ile Arg Leu Trp Gly Asp Ala Leu Phe Asp Ile Ile Xaa Lys Asp Arg
 115 120 125
 Asn Gly Ser Val Ser Leu Asp Xaa Trp Ile Gln Tyr Thr His Cys Ala
 130 135 140
 Gly Ile Gln Gln Ser Arg Gly Gln Cys Glu Ala Thr Xaa Ala His Cys
 145 150 155 160
 Xaa Leu Asp Gly Asp Gly Lys Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Arg
 165 170 175
 His Ile Gly Phe Trp Tyr Ser Val Asp Pro Thr Cys Glu Gly Leu Tyr
 180 185 190
 Gly Gly Ala Val Pro Tyr
 195

<210> 128

<211> 195

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (41)..(41)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (123)..(123)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (134)..(134)

<223> X représente E ou G

<221> MISC FEATURE

 $\langle 222 \rangle \quad (155) \dots (155)$

<223> X représente F ou S

<221> MISC FEATURE

<222> (159) .. (159)

<223> X représente D ou G

<400> 128

Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
1 5 10 15

Arg Trp Ile Lys Arg His Arg His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
20 25 30

Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Xaa Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
35 40 45

Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
50 55 60

Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
65 70 75 80

Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
85 90 95

Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
100 105 110

Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Xaa Lys Asp Gly Ser Gly
115 120 125

Thr Ile Thr Leu Asp Xaa Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
130 135 140

Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Xaa Arg His Cys Xaa Leu
145 150 155 160

Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Leu
165 170 175

Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
180 185 190

Gly Val Pro
195

<210> 129

<211> 195

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (41)..(41)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (123)..(123)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (134)..(134)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (155)..(155)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (159)..(159)

<223> X représente D ou G

<400> 129

Met	Ser	Ser	Lys	Tyr	Ala	Val	Lys	Leu	Lys	Thr	Asp	Phe	Asp	Asn	Pro
1				5					10					15	

Arg	Trp	Ile	Lys	Arg	His	Lys	His	Met	Phe	Asp	Phe	Leu	Asp	Ile	Asn
			20					25					30		

Gly	Asn	Gly	Lys	Ile	Thr	Leu	Asp	Xaa	Ile	Val	Ser	Lys	Ala	Ser	Asp
		35					40					45			

Asp	Ile	Cys	Ala	Lys	Leu	Glu	Ala	Thr	Pro	Glu	Gln	Thr	Lys	Arg	His
	50					55					60				

Gln	Val	Cys	Val	Glu	Ala	Phe	Phe	Arg	Gly	Cys	Gly	Met	Glu	Tyr	Gly
65					70					75					80

Lys	Glu	Ile	Ala	Phe	Pro	Gln	Phe	Leu	Asp	Gly	Trp	Lys	Gln	Leu	Ala
				85					90					95	

Thr	Ser	Glu	Leu	Lys	Lys	Trp	Ala	Arg	Asn	Glu	Pro	Thr	Leu	Ile	Arg
			100					105					110		

Glu	Trp	Gly	Asp	Ala	Val	Phe	Asp	Ile	Phe	Xaa	Lys	Asp	Gly	Ser	Gly
		115					120					125			

Thr Ile Thr Leu Asp Xaa Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
130 135 140
Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Xaa Arg His Cys Xaa Leu
145 150 155 160
Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Arg His Leu
165 170 175
Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
180 185 190
Gly Val Pro
195

<210> 130

<211> 195

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (41)..(41)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (123)..(123)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (134)..(134)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (155)..(155)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (159)..(159)

<223> X représente D ou G

<400> 130

140

Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
 1 5 10 15
 Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
 20 25 30
 Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Xaa Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
 35 40 45
 Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
 50 55 60
 Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
 65 70 75 80
 Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
 85 90 95
 Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
 100 105 110
 Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Xaa Lys Asp Gly Ser Gly
 115 120 125
 Thr Ile Thr Leu Asp Xaa Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
 130 135 140
 Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Xaa Arg His Cys Xaa Leu
 145 150 155 160
 Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Gln His Ile
 165 170 175
 Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
 180 185 190
 Gly Val Pro
 195

<210> 131

<211> 195

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (41)..(41)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (123)..(123)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (134)..(134)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (155)..(155)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (159)..(159)

<223> X représente D ou G

<400> 131

Met	Ser	Ser	Lys	Tyr	Ala	Val	Lys	Leu	Lys	Thr	Asp	Phe	Asp	Asn	Pro
1				5					10					15	

Arg	Trp	Ile	Lys	Arg	His	Arg	His	Met	Phe	Asp	Phe	Leu	Asp	Ile	Asn
			20					25					30		

Gly	Asn	Gly	Lys	Ile	Thr	Leu	Asp	Xaa	Ile	Val	Ser	Lys	Ala	Ser	Asp
		35					40					45			

Asp	Ile	Cys	Ala	Lys	Leu	Glu	Ala	Thr	Pro	Glu	Gln	Thr	Lys	Arg	His
	50					55					60				

Gln	Val	Cys	Val	Glu	Ala	Phe	Phe	Arg	Gly	Cys	Gly	Met	Glu	Tyr	Gly
65					70					75					80

Lys	Glu	Ile	Ala	Phe	Pro	Gln	Phe	Leu	Asp	Gly	Trp	Lys	Gln	Leu	Ala
			85						90					95	

Thr	Ser	Glu	Leu	Lys	Lys	Trp	Ala	Arg	Asn	Glu	Pro	Thr	Leu	Ile	Arg
			100					105						110	

Glu	Trp	Gly	Asp	Ala	Val	Phe	Asp	Ile	Phe	Xaa	Lys	Asp	Gly	Ser	Gly
		115					120					125			

Thr	Ile	Thr	Leu	Asp	Xaa	Trp	Lys	Ala	Tyr	Gly	Lys	Ile	Ser	Gly	Ile
	130					135					140				

Ser	Pro	Ser	Gln	Glu	Asp	Cys	Glu	Ala	Thr	Xaa	Arg	His	Cys	Xaa	Leu
145					150					155					160

Asp	Asn	Ser	Gly	Asp	Leu	Asp	Val	Asp	Glu	Met	Thr	Arg	Arg	His	Leu
			165						170					175	

Gly	Phe	Trp	Tyr	Thr	Leu	Asp	Pro	Glu	Ala	Asp	Gly	Leu	Tyr	Gly	Asn
			180					185					190		

Gly	Val	Pro
		195

<210> 132

<211> 195

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (41)..(41)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (123)..(123)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (134)..(134)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (155)..(155)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (159)..(159)

<223> X représente D ou G

<400> 132

Met	Ser	Ser	Lys	Tyr	Ala	Val	Lys	Leu	Lys	Thr	Asp	Phe	Asp	Asn	Pro
1				5					10					15	

Arg	Trp	Ile	Lys	Arg	His	Arg	His	Met	Phe	Asp	Phe	Leu	Asp	Ile	Asn
			20					25					30		

Gly	Asn	Gly	Lys	Ile	Thr	Leu	Asp	Xaa	Ile	Val	Ser	Lys	Ala	Ser	Asp
		35					40					45			

Asp	Ile	Cys	Ala	Lys	Leu	Glu	Ala	Thr	Pro	Glu	Gln	Thr	Lys	Arg	His
		50				55					60				

Gln	Val	Cys	Val	Glu	Ala	Phe	Phe	Arg	Gly	Cys	Gly	Met	Glu	Tyr	Gly
65					70					75					80

Lys	Glu	Ile	Ala	Phe	Pro	Gln	Phe	Leu	Asp	Gly	Trp	Lys	Gln	Leu	Ala
									90					95	

Thr	Ser	Glu	Leu	Lys	Lys	Trp	Ala	Arg	Asn	Glu	Pro	Thr	Leu	Ile	Arg
			100					105					110		
Glu	Trp	Gly	Asp	Ala	Val	Phe	Asp	Ile	Phe	Xaa	Lys	Asp	Gly	Ser	Gly
		115					120					125			
Thr	Ile	Thr	Leu	Asp	Xaa	Trp	Lys	Ala	Tyr	Gly	Lys	Ile	Ser	Gly	Ile
	130					135					140				
Ser	Pro	Ser	Gln	Glu	Asp	Cys	Glu	Ala	Thr	Xaa	Arg	His	Cys	Xaa	Leu
145					150					155					160
Asp	Asn	Ser	Gly	Asp	Leu	Asp	Val	Asp	Glu	Met	Thr	Arg	Gln	His	Ile
			165						170				175		
Gly	Phe	Trp	Tyr	Thr	Leu	Asp	Pro	Glu	Ala	Asp	Gly	Leu	Tyr	Gly	Asn
			180					185					190		
Gly	Val	Pro													
		195													

<210> 133

<211> 195

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (41)..(41)

<223> X représente E ou G

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (123)..(123)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (134)..(134)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (155)..(155)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (159)..(159)

<223> X représente D ou G

<400> 133

Met Ser Ser Lys Tyr Ala Val Lys Leu Lys Thr Asp Phe Asp Asn Pro
1 5 10 15

Arg Trp Ile Lys Arg His Lys His Met Phe Asp Phe Leu Asp Ile Asn
20 25 30

Gly Asn Gly Lys Ile Thr Leu Asp Xaa Ile Val Ser Lys Ala Ser Asp
35 40 45

Asp Ile Cys Ala Lys Leu Glu Ala Thr Pro Glu Gln Thr Lys Arg His
50 55 60

Gln Val Cys Val Glu Ala Phe Phe Arg Gly Cys Gly Met Glu Tyr Gly
65 70 75 80

Lys Glu Ile Ala Phe Pro Gln Phe Leu Asp Gly Trp Lys Gln Leu Ala
85 90 95

Thr Ser Glu Leu Lys Lys Trp Ala Arg Asn Glu Pro Thr Leu Ile Arg
100 105 110

Glu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Ile Phe Xaa Lys Asp Gly Ser Gly
115 120 125

Thr Ile Thr Leu Asp Xaa Trp Lys Ala Tyr Gly Lys Ile Ser Gly Ile
130 135 140

Ser Pro Ser Gln Glu Asp Cys Glu Ala Thr Xaa Arg His Cys Xaa Leu
145 150 155 160

Asp Asn Ser Gly Asp Leu Asp Val Asp Glu Met Thr Arg Arg His Ile
165 170 175

Gly Phe Trp Tyr Thr Leu Asp Pro Glu Ala Asp Gly Leu Tyr Gly Asn
180 185 190

Gly Val Pro
195

<210> 134

<211> 195

<212> PRT

<213> séquence dérivée par mutation de l'obéline

<220>

<221> MISC FEATURE

<222> (41) . . (41)

<223> X représente E ou G

$\langle 220 \rangle$

<221> MISC_FEATURE

<222> (123)..(123)

<223> X représente D ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (134)..(134)

<223> X représente E ou G

<221> MISC_FEATURE

<222> (155)..(155)

<223> X représente F ou S

<221> MISC_FEATURE

<222> (159)..(159)

<223> X représente D ou G

<400> 134

Met	Ser	Ser	Lys	Tyr	Ala	Val	Lys	Leu	Lys	Thr	Asp	Phe	Asp	Asn	Pro
1			5					10						15	

Arg	Trp	Ile	Lys	Arg	His	Arg	His	Met	Phe	Asp	Phe	Leu	Asp	Ile	Asn
		20						25					30		

Gly	Asn	Gly	Lys	Ile	Thr	Leu	Asp	Xaa	Ile	Val	Ser	Lys	Ala	Ser	Asp
	35					40						45			

Asp	Ile	Cys	Ala	Lys	Leu	Glu	Ala	Thr	Pro	Glu	Gln	Thr	Lys	Arg	His
50						55					60				

Gln	Val	Cys	Val	Glu	Ala	Phe	Phe	Arg	Gly	Cys	Gly	Met	Glu	Tyr	Gly
65					70				75						80

Lys	Glu	Ile	Ala	Phe	Pro	Gln	Phe	Leu	Asp	Gly	Trp	Lys	Gln	Leu	Ala
			85						90					95	

Thr	Ser	Glu	Leu	Lys	Lys	Trp	Ala	Arg	Asn	Glu	Pro	Thr	Leu	Ile	Arg
		100						105					110		

Glu	Trp	Gly	Asp	Ala	Val	Phe	Asp	Ile	Phe	Xaa	Lys	Asp	Gly	Ser	Gly
		115					120					125			

Thr	Ile	Thr	Leu	Asp	Xaa	Trp	Lys	Ala	Tyr	Gly	Lys	Ile	Ser	Gly	Ile
	130					135					140				

Ser	Pro	Ser	Gln	Glu	Asp	Cys	Glu	Ala	Thr	Xaa	Arg	His	Cys	Xaa	Leu
145					150					155					160

Asp	Asn	Ser	Gly	Asp	Leu	Asp	Val	Asp	Glu	Met	Thr	Arg	Arg	His	Ile
			165						170					175	

Gly	Phe	Trp	Tyr	Thr	Leu	Asp	Pro	Glu	Ala	Asp	Gly	Leu	Tyr	Gly	Asn
			180					185					190		

WO 03/006497

146

PCT/FR02/02492

Gly Val Pro
195